



**PCT**  
WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro  
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :</b> <b>C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10</b>	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54461</b>  <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 28. Oktober 1999 (28.10.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01174 <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 15. April 1999 (15.04.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 17 948.0      17. April 1998 (17.04.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE  <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGeweBE  <b>(57) Abstract</b> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.</p> <b>(57) Zusammenfassung</b> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
ER	Eritland	LR	Liberia	SG	Singapur		

**Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumorgewebe**

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor,  
5 die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die  
mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.  
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und  
deren Verwendung.

10 Eine Krebstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen  
Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B.  
Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes,  
führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression  
gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten  
Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die  
Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer  
20 Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine  
Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das  
Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder  
Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher  
Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen  
25 Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die  
experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum  
Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank  
verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)  
30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also,  
die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für  
normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von  
verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-  
Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350  
35 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares  
Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist ( > 2000 Nukleotide).  
Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können  
ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind.  
Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der  
40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen  
eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein  
völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe.  
Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit  
die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn  
zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die  
Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende  
ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1,  
Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich  
50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene  
Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden  
Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigen Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 hybridisieren.

45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens in dem Fachmann allgemein



bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),  
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den  
35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

- 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. ORF 561-575, 577-625, 630-635 aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert werden.

15

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

30

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.

40

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

45

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis

Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen
- 10 hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer
- 15 eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

**B deutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen**

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
10	Contig =	eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
	Singleton=	ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
15	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
20	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

**25 Erklärung zu den Alignmentparametern**

	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
30	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

**Erklärung der Abbildungen**

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 136 gefunden, die 15,6 .x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.3166	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0281	0.2774	3.6055
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0118	0.0123	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0133	0.0164	0.8100	1.2346
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0197	0.0164	1.2066	0.8288
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1904	5.2530
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0240	0.0267	0.8985	1.1129
	Prostata	0.0044	0.0192	0.2275	4.3961
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0272	0.8417	1.1881
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0245			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0551			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0181			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0092	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duendarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust 0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duennndarm 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe 0.0187	0.0100	1.8679	0.5354
10	Gastrointestinal 0.0192	0.0324	0.5917	1.6901
	Gehirn 0.0067	0.0205	0.3240	3.0866
	Haematopoetisch 0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz 0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0156	0.0102	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre 0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere 0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
	Pankreas 0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis 0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata 0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0192			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0165			
	Zervix 0.0319			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0278			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0393			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0072			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0124			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0249			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0476			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.1114			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0175			
	Gastrointestinal 0.0244			
60	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0292			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0020			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0310			
	Uterus_n 0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0256	0.3051	3.2777
	Brust	0.0090	0.0113	0.7939	1.2595
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines Gewebe	0.0255	0.0050	5.0944	0.1963
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0194	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244		
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429		
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487		
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029		
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516		
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487		
	Gehirn	0.0096	0.0041	2.3399	0.4274		
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230		
	Haut	0.0330	0.2542	0.1300	7.6946		
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000		
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652		
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef		
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004		
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000		
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143		
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807		
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0384					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113					
	Zervix	0.0000					
35		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
40	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
45	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
50	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
55	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
60	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0412	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
20	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0170	0.3839	2.6051
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0031	3.8398	0.2604
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
75	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0680			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0038		0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0050		1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0022		0.0041		0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0048		0.0129		0.3676	2.7200
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0020		0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0054		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0110		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0043		0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0068		0.1055		0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
45	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0249					
50	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
60	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
65	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0479	0.1699	5.8845
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0118	0.0041	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz	0.0064	0.0275	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
20	Lunge	0.0187	0.0164	1.1431	0.8748
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0301			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0102	0.0226	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0164	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0402			
	Gastrointestinal	0.0610			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North m für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn 0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0017			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0030			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0103	0.0113	0.9163	1.0913
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0145	0.0123	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0185	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			



## Elektronisch r North m für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North rn für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duennndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0072	0.6171	1.6205
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0207	0.5568	1.7960
	Duennndarm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0240	0.0260	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0180	0.0275	0.6553	1.5260
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0426			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0056	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS-			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0046	4.9700	0.2012
	Gehirn	0.0096	0.0082	1.1699	0.8547
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0628			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0137	1.7843	0.5604
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0188	0.2042	4.8982
	Duenndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0125	1.0868	0.9201
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0307	0.0275	1.1179	0.8945
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0286	0.1452	6.8893
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0110	1.0470	0.9551
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duenndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346	0.2542
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronisch r Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronisch r Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0059	0.0051	1.1519	0.8681
	Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## EI ktronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0150	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0208	0.4317	2.3163
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0231	1.1597	0.8623
	Gehirn	0.0081	0.0123	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0554	0.5512	1.8143
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0149	0.2925	3.4192
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer North rn für SEQ. ID. NO: 92

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North m für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer North rn für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust 0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm 0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0249			
50	Sinnesorgane 0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0052			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0030			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0310			
	Uterus_n 0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0164	0.1905	5.2490
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North rn für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0128	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0128	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust 0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenn darm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal 0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch 0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere 0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0145			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0228			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0060			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0234		0.0230		1.0170	0.9833
	Brust	0.0269		0.0207		1.2992	0.7697
	Duennndarm	0.0061		0.0662		0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150		0.0572		0.2616	3.8219
10	Endokrines_Gewebe	0.0085		0.0100		0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0134		0.0463		0.2899	3.4492
	Gehirn	0.0015		0.0092		0.1600	6.2504
	Haematopoetisch	0.0094		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0551		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143		0.0388		0.3676	2.7200
	Herz	0.0085		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0117		0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0073		0.0286		0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0966		0.0077		12.6053	0.0793
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
	Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0050		0.0055		0.8974	1.1143
	Penis	0.0329		0.1600		0.2059	4.8565
	Prostata	0.0087		0.0043		2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
35	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0532					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0056					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
55	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
60	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
65	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0146					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0000					
70	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0573					
	Nerven	0.0040					
75	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0077					
80	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0010	0.0000	3.5998	0.2778	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
15	Haut	0.0073	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	0.0000	1.4706	0.6800	0.0000
	Herz	0.0095	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
20	Lunge	0.0021	0.0020	0.0000	1.0161	0.9842	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.0000	0.2856	3.5020	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.0000	0.3965	2.5219	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0110	0.0000	0.1496	6.6857	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0000	0.0640	15.6211	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0028	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
45	Gehirn	0.0063	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Lunge	0.0036	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Niere	0.0062	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
55	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0126	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0245	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Foetal	0.0082	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0122	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0032	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Lunge	0.0246	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
75	Nerven	0.0100	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0077	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Uterus_n	0.0042	0.0000	0.0000	undef	undef	undef

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0171			
70	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
75	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0387			
80	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0486	0.6423	1.5569
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0575	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
15	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
20	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
25	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
35	Samenblase	0.0890			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0333			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0783			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit.				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronisch r Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North m für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0092	0.8000	1.2501
	Haematopoetisch	0.0080	0.0758	0.1059	9.4460
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
20	Lunge	0.0114	0.0164	0.6985	1.4315
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
25	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0176	0.5822	1.7176
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
20	Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
	Niere	0.0244	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0149	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.2111	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0305			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
50	Herz-Blutgefasse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0383	0.7119	1.4047
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
	Duennndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0312	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0201	1.4434	0.6928
	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0298	0.4469	2.2378
	Haematopoetisch	0.0281	0.0379	0.7411	1.3494
15	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0381	0.0259	1.4706	0.6800
	Herz	0.0191	0.1512	0.1262	7.9265
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
20	Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0668	0.0420	1.5909	0.6286
	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
25	Pankreas	0.0066	0.0331	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.1600	0.0936	10.6842
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1240			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0383	1.0170	0.9833
	Brust	0.0102	0.0301	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0351	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0148	0.0226	0.6545	1.5279
	Haematopoetisch	0.0227	0.2273	0.1000	10.0016
	Haut	0.0367	0.1695	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0291	0.0470	0.6185	1.6169
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0153	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0840	0.8159	1.2257
20	Niere	0.0244	0.0685	0.3569	2.8022
	Pankreas	0.0116	0.0607	0.1904	5.2530
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.6332	0.0213	46.8633
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0867			
	Zervix	0.0639			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0997			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0464			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0006			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm 0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock 0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0041			
	Gastrointestinal 0.0244			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0010			
65	Prostata 0.0137			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 141

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

5 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

10 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

### Beispiel 3

#### 20 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 30 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

35 Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese  
40 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

50 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10

#### Beispiel 4

##### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

15 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

20 Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

40

Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

5 TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	unbekannt		1046	2p24-2p21	D2S174-D2S390
2	erhöht	Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene	2x "CSD"	373		
3	erhöht	Polymerase protein RACK17		1571	1q32.1	D1S477-D1S504
4	erhöht	Homolog zu Human mRNA for KIAA0079		1789	10q21.3-q22.2	D10S537-D10S218
5	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T23B12	"BTB"	2361		
6	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid C01A2		1638	20q13.32-q13.33	D20S100-D20S173
7	erhöht	unbekannt		1034	12q12	D12S1589-D12S85
8	erhöht	unbekannt		947	17p11.2-p12	AFMa126vd5
9	erhöht	unbekannt		497		
10	erhöht	unbekannt		269		
11	erhöht	unbekannt		1717		
12	erhöht	unbekannt	"zf-C3HC4"	1419		
13	erhöht	unbekannt		671	2q37.3	D2S2704
14	erhöht	unbekannt		524		
15	erhöht	unbekannt		345		
16	erhöht	rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13		1060	7q33-7q36.1	WI-9353
17	erhöht	Rattus norvegicus neuritin		1721	6p23-p25.1	D6S1617-D6S1674
18	erhöht	Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase	"isodh"	2367	2q34	WI-1247
19	erhöht	Rat unr mRNA for unr protein with unknown function	2x "CSD"	1321	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
20	erhöht	Rat prostatic binding protein polypeptide c1		384		
21	erhöht	Rat GTP-binding protein (ral B)		367		
22	erhöht	R.norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit		2621	3q24-q25.2	D3S1570
23	erhöht	P.sativum mRNA for Cop1 protein	2x "G-beta"	2019	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
24	erhöht	P.falciptarum pfmdr1 gene		1866	18q12.1-q12.3	AFM164ya9
25	erhöht	ORF 5' of ECLF2... ECRF3=G protein-coupled receptor homolog		1189		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
26	erhöht	O. cuticulus lambda-crystallin mRNA	"3HCDH"	1418		
27	erhöht	Mus musculus flotillin		814		
28	erhöht	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase		3039	10q25.1-q25.2	D10S1465
29	erhöht	Mouse clathrin-associated protein (AP47)	"Adap_comp sub"	1448		
30	erhöht	Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylocrotonyl-CoA carboxylase	"CPSase_L_chain", "biotin_req_enzy"	1394		
31	erhöht	Leucine aminopeptidase, bovine	"Peptidase_M17"	734		
32	erhöht	Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead)	2x "DEAD"	692		
33	erhöht	Human mammaglobin Homolog	"Uteroglobin"	517		
34	erhöht	Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X		322		
35	erhöht	Human DNA sequence from clone 230G1		1559		
36	erhöht	Human DNA sequence from clone 217C2		1072		
37	erhöht	Human Cosmid Clone 28a1	"RhoGAP"	454	22.q11.21-q11.23	D22S420-D22S446
38	erhöht	Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence		700	3p21.1	
39	erhöht	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F21246		914		
40	erhöht	H. sapiens mRNA for Ptg-1 protein		1669	17q21.31-q21.33	D17S791-D17S797
41	erhöht	H. sapiens CpG island DNA genomic MseI fragment		355		
42	erhöht	H. sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line		2628	3q24	D3S3413
43	erhöht	Genomic sequence from Human 9q34		2535	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
44	erhöht	Drosophila melanogaster misato gene	"MYB_3"	805	1q21.2	D1S305-D1S506
45	erhöht	Chicken mRNA for vitellogenin I		1279		
46	erhöht	Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4		1923		
47	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		706		
48	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		749		
49	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK596		857	10q26.13	D10S212
50	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T26A5		268		
51	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T21G5		297		
52	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F56D5		590		
53	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F25D7		1714		
54	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F08C6		1340		
55	erhöht	C. botulinum bont (partial) and nth genes		765	3q24-q23	D3S3409



Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
56	erhöht	Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3)	*complex1_4 9kd"	1647		
57	erhöht	Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32)		1166		
58	erhöht	A. thaliana mRNA for RNA helicase		487		
59	erhöht	A. thaliana glycine-rich protein (clone atGRP-4)		1630	5q23.3-q31.1	D5S398-D5S2119
60	erhöht	Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19)	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1272	6q21	AFMa191wd1
61	erhöht	Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328	2x "DEAD"; "helicase_C"	1914	7p12.3-p13	D7S667-D7S2427
62	erhöht	S.pombe chromosome I cosmid c13D6		608		
63		Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain		2674	17q21.31-q22	D17S797-D17S788
64		Rattus norvegicus matrilysin (MMP-7) mRNA		326		
65		Rattus norvegicus Diphor-1	2x "PDZ"	888	1q12	D1S2669-D1S498
66		Human herpesvirus-7 (HHV7) J1, G protein-coupled receptor (GCR)		202		
67		Homolog zu Human synapsin I (SYN1)		1225	1p22.3-p31.1	WI-3099
68		Homolog zu Human PAX3 gene		1093		
69		Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXT2)		309	1p21.3-p22.1	D1S2166
70		Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4)		380		
71		Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for GPE-receptor		1253		
72		Homolog zu H.sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase		439		
73		Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B		1252	4p11-q12	D4S1619-D4S1600
74		Caenorhabditis elegans cosmid T21D12	"WW DO- MAIN 2"	695		
75		Caenorhabditis elegans cosmid R107		2514	13q33.3-q34	D13S261-D13S293
76		Caenorhabditis elegans cosmid M04C9		274		
77		Bovine opsin	"7tm_1"	449		
78		unbekannt		346		
79		unbekannt		1329		
80		unbekannt		805		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
81		unbekannt		420		
82		unbekannt		2143	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
83		unbekannt		450		
84		unbekannt		408	17q23.1-q23.2	D17S1680
85		unbekannt		311		
86		unbekannt		487		
87		unbekannt		1902	11p12-p13	WI-6150
88		unbekannt		1048	1q42.11-q43	WI-9317
89		unbekannt		804		
90		unbekannt		581		
91		unbekannt		2042		
92		unbekannt		430		
93		unbekannt		592		
94		unbekannt		674		
95		unbekannt		324		
96		unbekannt		709	5p15.33	D5S1954
97		unbekannt		562		
98		unbekannt		1948	16p13.2-p12.3	D16S499
99		unbekannt		483		
100		unbekannt		437		
101		unbekannt		359		
102		unbekannt		501		
103		unbekannt		1102	1q23.1-q23.2	D1S445-D1S431
104		unbekannt		306		
105		unbekannt		2042		
106		unbekannt		320		
107		unbekannt		506		
108		unbekannt		1276		
109		unbekannt		373		
110		unbekannt	TPR_RE-PEAT*	492		
111		unbekannt		1678	6q21	D6S278-D6S302
112		unbekannt		866	9q22.1-q22.2	D9S1841-D9S196
113		unbekannt		1434	18q12.1-q12.3	D18S1124-D18S468
114		unbekannt		914	7q32.3	D7S686-D7S530
115		unbekannt		685	8p12-p11.23	D8S1821-D8S255

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
116		unbekannt		2646		
117		unbekannt		2667		
118		unbekannt		544		
119		unbekannt		1340	18p11.21	D18S471-D18S464
120		unbekannt		2376		
121		unbekannt		225		
122		unbekannt		1967	6q22.33-q23.1	D6S292-D6S1899
123		unbekannt		612		
124		unbekannt		1183	2q32.3-q34	D2S315-D2S2237
125		unbekannt		891	4q28.1-q31.1	
126		unbekannt		482		
127		Human triosephosphate isomerase mRNA		610		
128		Human ras inhibitor mRNA		2072	9q33.3-q34.11	
129		Human R kappa B		980		
130		Human putative interferon-related protein (SM15)		792		
131		Human protein trafficking protein (S31iii125)	2x "EMP24 - GP25L"	1092	14q32.2-14q32.33	WI-9179
132		Human protein kinase C-binding protein RACK7		1523	20q13.13-q13.2	D20S957
133		Human gene for histone H1(0)	"linker - histone"	2241	22q13.1	
134		Human cathepsin B proteinase	"Cys- protease"	631		
135		Homo sapiens cathepsin B mRNA	"Cys- protease"	980		
136		unbekannt		2238	14q24.1-14q24.3	D14S277
137		H.sapiens XG mRNA		398		
138		H.sapiens mRNA for RAB7 protein	ras	1084	7q21.3-q22.1	D7S652
139		H.sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase		1259		
140		H.sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase		1938	1q22-q23.1	
141		H.sapiens IL-13Ra		1874	Xq23	
531		Verlängerung von Seq. ID No. 19	2x "CSD"	1708	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
532		Verlängerung von Seq. ID No. 23	2x "G-beta"	2128	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
533		Verlängerung von Seq. ID No. 25		2640		
534		Verlängerung von Seq. ID No. 32	2x "DEAD"	1245		
535		Verlängerung von Seq. ID No. 34		822		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
536		Verlängerung von Seq. ID No. 43		2703	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
537		Verlängerung von Seq. ID No. 44	"MYB_3"	2664	1q21.2	D1S305-D1S506
538		Verlängerung von Seq. ID No. 52		3888		
539		Verlängerung von Seq. ID No. 54		3304		
540		Verlängerung von Seq. ID No. 55		863	3q24-q23	D3S3409
541		Verlängerung von Seq. ID No. 59		1962	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
542		Verlängerung von Seq. ID No. 60	2x "PX"; "BEM DOM AIN"	1772	6q21	AFMa191wd1
543		Verlängerung von Seq. ID No. 65	2x "PDZ"	1009	1q12	D1S2669-D1S498
544		Verlängerung von Seq. ID No. 69		2834	1p21.3-p22.1	D1S2166
545		Verlängerung von Seq. ID No. 82		2319	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
546		Verlängerung von Seq. ID No. 84		2456	17q23.1-q23.2	D17S1680
547		Verlängerung von Seq. ID No. 87		2218	11p12-p13	WI-6150
548		Verlängerung von Seq. ID No. 88		2196	1q42.11-q43	WI-9317
549		Verlängerung von Seq. ID No. 93		701		
550		Verlängerung von Seq. ID No. 98		2214	16p13.2-p12.3	D16S499
551		Verlängerung von Seq. ID No. 108		1434		
552		Verlängerung von Seq. ID No. 111		2434	6q21	D6S278-D6S302
554		Verlängerung von Seq. ID No. 114		1457	7q32.3	D7S686-D7S530
555		Verlängerung von Seq. ID No. 126		741		

TABELLE II

<b>DNA-Sequenzen</b> <b>Seq. ID. No.</b>	<b>Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq.</b> <b>ID. No.</b>
<b>1</b>	<b>142</b>
	<b>143</b>
	<b>144</b>
<b>2</b>	<b>145</b>
	<b>146</b>
	<b>147</b>
<b>3</b>	<b>148</b>
	<b>149</b>
	<b>150</b>
<b>4</b>	<b>151</b>
	<b>152</b>
	<b>153</b>
<b>5</b>	<b>154</b>
	<b>155</b>
	<b>156</b>
<b>6</b>	<b>157</b>
	<b>158</b>
	<b>159</b>
<b>7</b>	<b>160</b>
	<b>161</b>
	<b>162</b>
<b>8</b>	<b>163</b>
	<b>164</b>
	<b>165</b>
<b>9</b>	<b>166</b>
	<b>167</b>
	<b>168</b>
<b>10</b>	<b>169</b>
	<b>170</b>
	<b>171</b>
<b>11</b>	<b>172</b>
	<b>173</b>
	<b>174</b>
<b>12</b>	<b>175</b>

DNA-Sequenz n Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
12	176
	177
13	178
	179
	180
14	181
	182
	183
15	184
	185
	186
	187
16	188
	189
	190
17	191
	192
	193
18	194
	195
	196
19	197
	198
	199
20	200
	201
	202
21	203
	204
22	205
	206
	207
23	208
	209
	210
24	211

<b>DNA-Sequenzen</b> <b>Seq. ID. No.</b>	<b>P ptid-Sequenzen (ORF's) Seq.</b> <b>ID. No.</b>
<b>24</b>	<b>212</b>
	<b>213</b>
<b>25</b>	<b>214</b>
	<b>215</b>
	<b>216</b>
<b>26</b>	<b>217</b>
	<b>218</b>
	<b>219</b>
<b>27</b>	<b>220</b>
	<b>221</b>
	<b>222</b>
<b>28</b>	<b>223</b>
	<b>224</b>
	<b>225</b>
<b>29</b>	<b>226</b>
	<b>227</b>
	<b>228</b>
<b>30</b>	<b>229</b>
	<b>230</b>
	<b>231</b>
<b>31</b>	<b>232</b>
	<b>233</b>
	<b>234</b>
<b>32</b>	<b>235</b>
	<b>236</b>
	<b>237</b>
<b>33</b>	<b>238</b>
	<b>239</b>
	<b>240</b>
<b>34</b>	<b>241</b>
	<b>242</b>
	<b>243</b>
<b>35</b>	<b>244</b>
	<b>245</b>
	<b>246</b>

DNA-Sequ nzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequ nzen (ORF's) Seq. ID. No.
	247
36	248
	249
37	250
	251
	252
38	253
	254
	255
39	256
	257
	258
40	259
	260
	261
41	262
	263
	264
42	265
	266
	267
43	268
	269
	270
44	271
	272
	273
45	274
	275
	276
46	277
	278
	279
47	280
	281
	282



<b>DNA-Sequenzen</b> <b>Seq. ID. N .</b>	<b>Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq.</b> <b>ID. N .</b>
	283
48	284
	285
49	286
	287
	288
50	289
	290
	291
	292
51	293
	294
	295
52	296
	297
	298
53	299
	300
	301
54	302
	303
	304
55	305
	306
	307
56	308
	309
	310
57	311
	312
	313
58	314
	315
	316
59	317
	318

DNA-S quenz n S q. ID. No.	P ptid-S quenzen (ORF's) S q. ID. No.
	319
60	320
	321
	322
61	323
	324
	325
62	326
	327
	328
63	329
	330
	331
64	332
	333
	334
	335
65	336
	337
	338
66	339
	340
	341
67	342
	343
	344
68	345
	346
	347
69	348
	349
	350
70	351
	352
	353
71	354

<b>DNA-Sequenzen</b> <b>Seq. ID. No.</b>	<b>Peptid-Sequenzen (ORF's) S q.</b> <b>ID. No.</b>
	355
	356
72	357
	358
	359
	360
73	361
	362
	363
74	364
	365
	366
75	367
	368
	369
76	370
	371
	372
77	373
	374
	375
78	376
	377
	378
79	379
	380
	380
	381
80	382
	383
	384
81	385
	386
	387
82	388
	389

<b>DNA-Sequenzen</b> <b>S q. ID. No.</b>	<b>P ptId-Sequenzen (ORF's) Seq.</b> <b>ID. No.</b>
	<b>390</b>
<b>83</b>	<b>391</b>
	<b>392</b>
	<b>393</b>
<b>84</b>	<b>394</b>
	<b>395</b>
<b>85</b>	<b>396</b>
	<b>397</b>
	<b>398</b>
<b>86</b>	<b>399</b>
	<b>400</b>
	<b>401</b>
	<b>402</b>
<b>87</b>	<b>403</b>
	<b>404</b>
	<b>405</b>
	<b>406</b>
<b>88</b>	<b>407</b>
	<b>408</b>
	<b>409</b>
<b>89</b>	<b>410</b>
	<b>411</b>
	<b>412</b>
<b>90</b>	<b>413</b>
	<b>414</b>
	<b>415</b>
<b>91</b>	<b>416</b>
	<b>417</b>
	<b>418</b>
<b>92</b>	<b>419</b>
	<b>420</b>
	<b>421</b>
	<b>422</b>
<b>93</b>	<b>423</b>
	<b>424</b>
	<b>425</b>

<b>DNA-Sequenzen Seq. ID. No.</b>	<b>Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.</b>
	426
94	427
	428
95	429
	430
	431
	432
96	433
	434
	435
97	436
	437
	438
98	439
	440
	441
99	442
	443
	444
100	445
	446
	447
101	448
	449
	450
102	451
	452
	453
103	454
	455
	456
104	457
	458
	459
	460
105	461

<b>DNA-Sequenzen</b> <b>Seq. ID. No.</b>	<b>Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq.</b> <b>ID. No.</b>
	<b>462</b>
	<b>463</b>
<b>106</b>	<b>464</b>
	<b>465</b>
<b>107</b>	<b>466</b>
	<b>467</b>
	<b>468</b>
	<b>469</b>
<b>108</b>	<b>470</b>
	<b>471</b>
	<b>472</b>
<b>109</b>	<b>473</b>
	<b>474</b>
	<b>475</b>
<b>110</b>	<b>476</b>
	<b>477</b>
	<b>478</b>
<b>111</b>	<b>479</b>
	<b>480</b>
	<b>481</b>
<b>112</b>	<b>482</b>
	<b>483</b>
	<b>484</b>
	<b>485</b>
<b>113</b>	<b>486</b>
	<b>487</b>
	<b>488</b>
<b>114</b>	<b>489</b>
	<b>490</b>
	<b>491</b>
<b>115</b>	<b>492</b>
	<b>493</b>
	<b>494</b>
	<b>495</b>
<b>116</b>	<b>496</b>
	<b>497</b>

DNA-S qu nzen S q. ID. N .	Peptid-S qu nz n (ORF's) Seq. ID. No.
	498
117	499
	500
	501
118	502
	503
	504
119	505
	506
	507
120	508
	509
	510
121	511
	512
	513
122	514
	515
	516
123	517
	518
	519
124	520
	521
	522
125	523
	524
	525
126	526
	527
	528
531	561
	562
	563
532	564
	565

DNA-Sequenz n Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz n (ORF's) Seq. ID. No.
	566
533	567
	568
	569
534	570
	571
	572
535	573
	574
	575
536	577
	578
537	579
	580
	581
538	582
	583
	584
539	585
	586
	587
540	588
	589
	590
541	591
	592
	593
542	594
	595
	596
543	597
	598
	599
544	600
	601
	602



<b>DNA-Sequence n Seq. ID. No.</b>	<b>Peptide-Sequence n (ORF's) Seq. ID. No.</b>
<b>545</b>	<b>603</b>
	<b>604</b>
	<b>605</b>
<b>546</b>	<b>606</b>
	<b>607</b>
	<b>608</b>
<b>547</b>	<b>609</b>
	<b>610</b>
	<b>611</b>
<b>548</b>	<b>612</b>
	<b>613</b>
	<b>614</b>
<b>549</b>	<b>615</b>
	<b>616</b>
	<b>617</b>
<b>550</b>	<b>618</b>
	<b>619</b>
	<b>620</b>
<b>551</b>	<b>621</b>
	<b>622</b>
	<b>623</b>
<b>552</b>	<b>624</b>
	<b>625</b>
<b>554</b>	<b>630</b>
	<b>631</b>
	<b>632</b>
<b>555</b>	<b>633</b>
	<b>634</b>
	<b>635</b>

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 142-528 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

### Sequenzprotokoll

#### (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

## 10 (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- 15 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

## 20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 622

## 25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- 30 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1046 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5   tcggaacgag ggatcactaa tcaacaaacc agctttcggg gtctgacgcg atccttgcct 60
   caggcctctc gaggtccaga cagccgcca gcccgctctg cgacgcagca gtgaatagt 120
   tggtagctcc ttgtctcgtt tcaggteccag acctccccgt cttccggctg ccctgaacgt 180
   caggcgacct caggaccctg tgattggcgc ctgcgccggc ggaccgtgac cgaggaaacc 240
   cctggaggga cttgggcatt ccttgggctc cgtgcctgtt cttcgtgctc ctttcggggc 300
   aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataaatgttt 360
10  gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgcaaag atactgggga gagataccaa 420
   tatcatcaag ccagaccaac agaagttcct tcgatttgcct cccacgggag ttccgtctgg 480
   tggagtcca tgaccacccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag cccccacta 540
   tgctggacat cccctcagag ccatgtatgc tcaccatcca tacgattcag ttgattcagc 600
   acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagctcaggc ccagaatcag cagcagacag 660
15  aagggtgtaaa aactgaagag agtgaacctc ttccctcgtg ccctgggtca cctcctctcc 720
   ctgatgacct cctgccttta gattgtaaga atccaatgc accattccag atccggcaca 780
   gtgacccaga gactgacttt tatcgtggga aaggggaacc tgtgactgaa ctcagctggc 840
   actcctgtcg gcagctctc taccaaggca gtggcacaaa tcctggccaa cggcgggctt 900
   ttgactgtgc taatgagagt gtccctggaag accctaactt gatgttggca catgagtatt 960
20  ggccttaaaag tttaacaaag tttgctgcgt ttttgcgtgt gagcgggaag cccgggtggg 1020
   agagacttcc ttttgccgaa tgtgat 1046

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 373 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

50  cgaaggcaga gttcaacagg gatcttttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60
   tattgaattt atccatcagt taaccacaggc aattaagagc acacatggaa catcgaccat 120
   tccacgggta tctcgtataa ccctcaagga caagccatag tggaacgttg cccattccac 180
   gcttaaaaaa atgcttttaa aaaaggggga atatgaataa ggaccctaca acactactag 240
   cacaagtgtt attcaccctt aatttcttaa atttagataa ttaaatttcc aatcagccct 300
   agaaaagcac ttttgcttaa aacctcccca ggtagcaagg ctttcagtgt tttgggaagg 360
   tgtaaatagt atc 373

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```
25 ctgctctggc aaccaataga agctaggaga gggcggggac aactgggtct tttgcggctg 60
cagcgggctt gtaggtgtcc ggctttgctg gccagcaag cctgataagc atgaagctct 120
tatctttggt ggctgtggtc ggggtgttgc tggtgcccc agctgaagcc aacaagagtt 180
ctgaagatat ccggtgcaaa tgcatctgtc caccttatag aaacatcagt gggcacattt 240
acaaccagaa tgtatcccag aaggactgca actgcctgca cgtgggtggag cccatgccag 300
tgcttgccca tgactggag gcctactgcc tgctgtgcga gtgcaggtag gaggagcgca 360
gaccaccacc atcaaggtea tcattgtcat ctacctgtcc gtggtgggtg cctgtttgct 420
ctacatggcc ttctgtatgc tgggtgagcc tctgatccga aagccggatg catacactga 480
gcaactgcac aatgaggagg agaatgagga tgctogctct atggcagcag ctgctgcac 540
cctcggggga ccccgagcaa acacagctcc ggagcgtgtg gaaggtgcc agcagcgggtg 600
gaagctgcag gtgcaggagc agcggagac agtcttcgat cggcacaaga tgctcagcta 660
gatgggctgg tgtggttggg tcaaggcccc aacaccatgg ctgccagctt ccaggctgga 720
35 caaagcaggg ggctacttct ccttccctc ggttccagtc ttccctttaa aagcctgtgg 780
catttttccct ccttctccct aactttagaa atgttgtaact tggctatttt gattagggaa 840
gagggatgtg gtctctgac tccgttgtct tcttgggtct ttggggttga agggaggggg 900
aaggcaggcc agaagggaat ggagacattc gaggcggcct caggagtgga tgcgatctgt 960
40 ctctcctggc tccactcttg ccgccttcca gctctgagtc ttgggaatgt tgttaccctt 1020
ggaagataaa gctgggtctt caggaactca gtgtctggga ggaaagcatg gccagcatt 1080
cagcatgtgt tctttctgca agtggttctt tatcaccacc tccctcccag cccagcgcc 1140
tcagccccag cccagctcc agcctgagg acagctctga tgggagagct gggccccctg 1200
agccactgg gtcttcaggg tgactggaa gctggtgttc gctgtccct gtgcacttct 1260
45 cgactgggg catggagtgc ccatgcatac tctgtgccg gtccctcac ctgcacttga 1320
ggggtctgg cagtccctcc tctcccagc gtccacagtc actgagccag acggctcggt 1380
ggaacatgag actcgaggct gagcgtggat ctgaacacca cagccctgt acttgggttg 1440
cctcttgtcc ctgaacttcg ttgtaccagt gcatggagag aaaattttgt cctcttgtct 1500
tagagttgtg tgtaaatcaa ggaagccatc attaaattgt tttattttct tccaaaaaaa 1560
50 aaaaaaaaaa a 1571
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1789 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

20 agaccatgct ggaaaaaatt ccaaaggaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60  
gttttatcac atataacaaa gttctccatt tctttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120  
ctcagatgat gggggtgact gatgttgag aagtccttgt tcctttgttg gatggtttcc 180  
ttgtcaacta tcaagaatcc caatctgtga ttcataattt gttggaccag attccagaca 240  
tggttgacaga ctctaatagaa aatgagactg tctttgtctc tgtcatccag gctggcatgg 300  
25 aagcactaaa ggcagcagac tgtcctggga agctgttcat cttccattct tccttgccaa 360  
ctgctgaagc accaggaag ctcaaaaaca gagatgacaa aaaactgggt aatacagaca 420  
aagagaagat acttttccag ccccaaacaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgcg 480  
tggtcaccg gctgctctgt gacactcttc ctcttctcta gtcagtatgt ggacgtggcc 540  
tcgctggggc tggttcctca gctcactgga ggaacccttt acaaatacaa caatttccag 600  
30 atgcacttgg atagacaaca atttttgaac gacctcagaa atgatattga aaagaaaata 660  
ggctttgatg ctattatgag ggttcgtacc agcacagggt tcagagccac tgatttcttt 720  
ggtggaatct tgatgaacaa caccaccgat gtagaaatgg ctgccatcga ttgtgacaag 780  
gcagtgcacc tggagttcaa gcacgatgac aaactcagtg aagacagtgg agccttaatc 840  
cagtgtgctg tgctttacac gacaatcagt ggtcaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900  
35 ggcttaaaact gcagctctca gctagctgat ctttataaga gctgtgagac agatgctctt 960  
atcaacttct ttgccaaagtc agcttttaaa gcagttctcc accagccttt gaaggctcatc1020  
cgggaaattc tagttaatca gactgcccac atgttggcat gttaccggaa gaattgtgca1080  
agtcccttct cagcaagcca gcttattcta ccagattcca tgaaagtatt gccagtgtac1140  
atgaattgct tgttgaaaaa ctgtgtacta ctcagcagac cagagatctc aactgatgaa1200  
40 cgagcatacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gcttttcttc1260  
taccacaaac ttctgcccac acacacgtta gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgcc1320  
gttcgttgcct ctgagtcctg tctttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatgggtcta1380  
cacatgttcc tgtggttggg agtaagcagc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaata1440  
gtgccatctt ttgcacatat caacacagat atgacattgc tgcctgaagt gggaaaccca1500  
45 tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg1560  
aagctcaciaa ttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg ttttccgaca gttcctggta1620  
gaagacaaaag gactttacgg aggtctctct tatgtggatt tcctttgttg tgttcacaag1680  
gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccggg caatggagggt tgcgttgcca1740  
gggggggaaa agcccctttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare  
55 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel

## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```
20  gggccagccg gctcgcccg gggccatggc agcagcggtt actgcagccg aggggggtccc 60
    cagtcggggg cctcccgggg aagtcattcca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagtag 120
    ctctcgccag actctcacct ggatcccaga ctctctcttc tccagtcctc tgagcgggac 180
    catctcgacg ctgaaagatg agaccggagc aatcttcatc gacagggacc ctacagtcct 240
    cgcccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagttggat cccaggggtg tccacggttc 300
    cagcctcctc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctggttcgtc gcctgcagct 360
25  tcgagaggag ttggatcgat cttcttggg aaacgtcctc ttcaatgggt acctgccgcc 420
    accagtgttc ccagtgaagc ggcggaaccg gcacagccta gtggggcctc agcagctagg 480
    aggacggcca gccctgtccc gacggagcaa cacgatgccc cccaaccttg gcaatgcagg 540
    gctgctgggc cgaatgctgg atgagaaaac cctccctca cctcaggac aacctgagga 600
    gccggggatg gtgcgcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgctgtgg cctataacca 660
30  gtttctagtc tgctacaggt tgaaggaagc ctctggcggg cagctggtgt tttccagccc 720
    ccgcttgga c tggcccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tgggtggggt 780
    ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gcgagatcct gctatggggt 840
    ctccggcgatg aaggcggtgg ctccgagata ggggtctttc atctgggggt gccgtgtgag 900
    gccttggtct tcgtcgggaa ccagctcatt gtacaagcc acacagggag catcggggtg 960
35  tggaatgccg tcaccaagca ctggcaggtc caggaggtgc agccatcac cagttatgac1020
    gcggcaggct ccttctcctc cctgggctgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg1080
    cagaagtcc ccttgcgcac gaaagacaac gacctcctt tcagcgagct ctatcgggac1140
    ccagcgggag atggggtcac cgccctcagt gtctacctca ccccaagac cagtgcag1200
    gggaaactgga tcgagatcgc ctatggcacc agctcagggg gcgtgcgggt catcgtgcag1260
40  caccgcggaga ctgtgggctc ggggcctcag ctcttccaga ccttactgt gcaccgcagc1320
    cctgtcacca agatcatgct gtcggagaag cacctcatct cagtctgtgc cgacaacaac1380
    cacgtgcgga catggtctgt gactcgcttc cgcgcatga tttccacca gcccggtcc1440
    accccactcg ctctctttaa gatcctggct ctggagtcgg cagatgggca tggcggtgc1500
    agtgcgtggc atgacattgg cccctacggt gagcgggacg accagcaagt gtcatccag1560
45  aagggtgtgc ccagtgcag ccagctcttc gtgcgtctct catctactgg gcagcgggtg1620
    tgctccgtgc gctccgtgga cggctcaccc acgacagcct tcacagtgc ggagtgcgag1680
    ggctcccggc ggctcggctc tcggccccgg cgctacctgc tcaactggca ggccaacggc1740
    agcttgggca tgtgggacct aaccaccgcc atggacggcc tcggccaggc ccctgcaggt1800
    ggccctgacg agcaagagct gatggaacag ctggaacact gtgagctggc cccgccggt1860
50  ccttcagctc cctcatgggg ctgtctcccc agccctcac cccgcactc cctcaccagc1920
    ctccactcag cctccagcaa cacctccttg tctggccacc gtgggagccc aagccccccg1980
    caggctgagg cccggcgccg tgggtggggc agctttgtgg aacgctgcca ggaactggtg2040
    cggagtgggc cagacctccg acggccaccc acaccagccc cgtggccctc cagcgggtctc2100
    ggcactcccc tcacacctcc caagatgaag ctcaatgaaa ctctcttttg aacaacgcag2160
55  ctgccatgat gccttgggat gccctggctc tgggggactc aggtgcctcc ctgattcctg2220
    tgggaacccc ggggtcaggg ccaggccctc ctgggaataa atggttattg ttactaggtc2280
    cccaccttcc ctcttttctg gaagccaaag tcaccctccc caataaagtc ctcactgcc2340
    aaaaaaaaaa aaaaaaaacc g                                     2361
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

25

```

ggctgcggat ttcgccggaa atccccggaag tgacagcttt ggggggtttgc tgctggctct 60
gactcccgtc ctgcgatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactggtg 120
aagggggcga agaaggttga gaaggtcgac aaagatgctg aattagtggc ccaatggaac 180
tattgtactc taagtcagga aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240
ctttataaca aagatgccgt cattgaattt ctcttggaaca aatctgcaga aaaggctctt 300
gggaaggcag catctcacat taaaagcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360
aatcctgcct gggaagggga taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacctccag 420
cgggcgcggt tcatctgccc cgttgtgggc ctggagatga acggccgaca cagggttctgc 480
ttccttcggt gctgcggctg tgtgttttct gagcgcgcct tgaaagagat aaaagcggaa 540
gtttgccaca cgtgtggggc tgccttccag gaggatgatg tcatcgtgct caatggcacc 600
aaggaggatg tggacgtgct gaagacaagg atggaggaga gaaggctgag agcgaattgg 660
aaaagaaaac aaagaaaccc aaggcagcag agtctgtttc aaaaccagat gtcagtgaag 720
aagccccagg gccatcaaaa gttaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780
gagagaagaa aaccaacttg gctcccaaaa gcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840
aagctgggaa gcctcgtgtg ggagccacaa agaggtccat cgctgacagt gaagaatcgg 900
aggcctacaa gtccctcttt accactcaca gctccgccaa gcgctccaag gaggagtctg 960
cccactgggt caccacacag tcctactgct tctgaagccc gcactgccac cgctcctgcc 1020
ccagaagggt gtttagtttc cacgtaggca ggtcgctttg tgcctctgag tgcgctgctg 1080
tgtgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtcctgg ccagccttca agctgggtgtg 1140
gccactcttg atgtgaggcg tgtcggttcc aggggggaca tgggaggggc tgcacagtgg 1200
cccagggtca tgcttgcttc cacctgcagg tgcatthggt cctttccatg gccaggaagc 1260
cctgtgggct gcacttttta tgcttgagcgt aacaagagac tccagagtcc tcaccggtgc 1320
agagttggca catattaatt aactaaaatt ctaatgatct tgctaccagc aataaatcaa 1380
gtaggccaag tgaaactggg ctttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgcccactag 1440
aagcttcgaa gggcctcgct cctctgctac agccctggga ggagccagga tccttggttg 1500
tctagctaaa tactgttagg ggagtggtgc ccactctcat atttcgaaga tagcagagtc 1560
atagttgggc acccggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaa 1620
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1034 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

25 cgccctgcgcg ctgagtgcggt gccgctccgc cgaccgaaga ggctggacat gacaccagtg 60
   gcatatcacg gccatgggggt ctcagcattc cgctgctgct cgccctcct cctgcaggcg 120
   aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gagcaggaag aagccattgc 180
   tcagttccca tatgtggaat tcaccgggag agatagcatc acctgtctca cgtgccaggg 240
   gacaggctac attccaacag agcaagttaa tgagttggtg gctttgatcc cacacagtga 300
   tcagagattg cgccctcagc gaactaagca atatgtcctc ctgtccatcc tgccttgcct 360
30 cctggcatct ggtttggtgg tttcttcct gttccgcat tcagtccttg tggatgatga 420
   cggcatcaaa gtggtgaaag tcacatttaa taagcaagac tcccttgtaa ttctcaccat 480
   catggccacc ctgaaaatca ggaactccaa cttctacacg gtggcagtga ccagcctgtc 540
   cagccagatt cagtacatga acacagtggg gaattttacc gggaaggccg agatgggagg 600
   accgttttcc tatgtgtact tctctgcac ggtacctgag atcctgggtc acaacatagt 660
35 gatcttcatg cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcatgacct agagctcctt 720
   ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgctatt 780
   ggttcttcca cacagcgctt gtagaagaga gcacagcata tggtcccaag gcctgagttc 840
   tgggacctac cccacgtgg gtgttaaggc agagggaagg aattggttca ctttaacttc 900
   ccaggcaaac attcctcctg gccacttagg gagggaaaca ccttccttat gggttaccat 960
40 ttgttggttg ttcaggaacc aggcggattc agttgcctag gcgtgttgcc ccagcaattat 1020
   gtttgggcat tgca                                     1034

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 947 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

```

15 cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60
ctacacccatg cacctgacca catttgtgcaa caogtgattg gacaacccaa cccagagaaa120
caaggatcag ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180
ggtggaggag cccgagacat tagtggaact tcaaaggaat gagtgggatc caatcatcga240
atgggctgag aaaagatacg gcgtggagat cagctcctcc accagcataa tgggaccag300
catcoctgcc aaaactcggg aggtgctcgt cagccacctg gcatcttaca acacatgggc360
20 tttaacaagg attgagtttg tagctgcccc gctcaagtcc atgggtgctaa ccttgggcct420
gattgacctg cgcctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggagta480
ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggcccatgac tatgagctgc aggagctgcg540
ggccgcgacc gccgcggca cctcttcat ccatctctgc tccgagagca ccacagtcaa600
gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagagcacac tcagcaggat agaggcagt660
25 cagccacagc tccccggcc ttcagggtc cccagcctgt ggggctggct tccttggctt720
ttggggactc ggccctcagc tcacctgag attcccccg agacacagtg cgctagtacg780
gctgtccgga ggctcagcct atttcaaccc aggtgccctt ggcttggcca gcagtgaatg840
taggagatga attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900
30 ccctggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 947

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
35 (A) LÄNGE: 497 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

ctcgtggcga gagactgaga taaaagagca actcactgaa cacctttgta cgatcataca 60
gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagtt ggaggagttg atgcaacaac tagatgtaga120
agccgatgaa gagacttttg agcttgaggt ggaggtcgag agattgctac acgaacaaga180
5 agtagaatca aggagaccag tggttcgttt agagaggcca tttcagcctg cggaggagag240
tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttcccaaaa300
ggtagatgac cagtgtggaa attccagtag catccccttt cttagtccaa actgccccaaa360
tcaagaagggt aatgacattt cagctgcctt ggccacatga agttctggta ttcttttgag420
ctaatatggt attgagtaaa gtatactttt tgcagtagat catgccctga cctccaataa480
10 aaacctcttt aaaacaa 497

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

cggggagagg tgggctgggc tgcaggctcct ggcggttggtc tggatcatcg cgcccgtagt 60
ctgaagtttt ctccgtggcg ctcccttgaga ggggttcctc ctgcatcttg agaataatttt120
gcatttcggc tcccttctct tctcgtctgcc atcggtatgcc ccaaatagggt cctgtcccct180
40 cggatgaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcagggtca gagtccaagt acagatgagc240
ttgagaggga ttctgaaatg caacggccc 269

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1717 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```
attctaggac caacactcct gtggagacgt ggaaagggttc caaaggcaaa cagtcctata 60
15 cctacatcat tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccttccag aggaccactt 120
ttcatgagga aagcaggaag tacaccaatg acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
ccaatgttat gaatggcgtg gcctcctact gccgtccctg tgccctagaa gcctctgatg 240
tggtgctctc ctgcacctct tgtcctgctg gttactatat tgaccgagat tcaggaacct 300
gccactcctg cccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggt gtccaggcct 360
20 gtgtgccctg tgggtccagg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
gcacctttct acgcaacact ccaaccagga ctttcaacta caacttctcc gctttggcaa 480
acaccgtcac tcttgctgga gggccaagct tcacttccaa aggggtgaaa tacttccatc 540
actttaccct cagtctctgt ggaaaccagg gtaggaaaat gtctgtgtgc accgacaatg 600
tcaactgacct ccggattcct gaggggtgagt cagggttctc caaatctatc acagcctacg 660
25 tctgccaggc agtcacatc cccccagagg tgacaggcta caaggcoggg gtttcctcac 720
agcctgtcag ccttgctgat cgacttattg gggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780
tcacctcccc agctgaactt ttccacctgg agtccttggg aataccggac gtgatcttct 840
tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900
tcaggtgcag tccacagaaa actgtccctg gaagtttget gctgccagga acgtgctcag 960
30 atgggacctg tgatggctgc aacttccact tcctgtggga gagcgcggtc gcttgccgcg 1020
tctgctcagt ggctgactac catgctatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga 1080
ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctgggtg catttctctg cctgagcaga 1140
gagtcaccat ctgcaaaacc atagatttct ggctgaaagt gggcatctct gcaggcacct 1200
gtactgccat cctgtcaccc gtcttgacct gctacttttg gaaaaagaat caaaaactag 1260
35 agtacaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag 1320
ctgacagctg cgccatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacctcatc tttaccagca 1380
agaagtcact ctttggaag atcaaatcat ttacctcaa gaggactcct gatggatttg 1440
actcagtgcc gctgaagaca tcctcaggag gccagacat ggacctgtga gaggactgc 1500
ctgcctcacc tgccctctca ccttgcatag cacctttgca agcctgcggc gatttggtg 1560
40 ccagcatcct gcaacaccca ctgctgaaa tctcttcatt gtggccttat cagatgtttg 1620
aatttcagat ctttttttat agagtacca aacctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc 1680
caaataacc cacactttgt ttgtaaatta aaaaaaa 1717
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1419 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

ggcagaggta ttacctgaaa acttaaaaga aggctgaag gaatcttcct ggagttcatt 60
accatgtact aaaaacagac cttttgattt tcattcagtg atggaagagt ctcagtctct 120
caatgaacct agcccaaagc agagtgaaga aataccagag gtcacttcag agcctgtcaa 180
15 aggaagctta aaccgtgctc agtcagcaca gtctataaat tcaacagaaa tgccctgccag 240
agaggactgt ttgaaaaaag agtgccctca gaacctgttc tgcagttca agaaaaaggt 300
gttctgctga aaagaaagt gtctctttta gaacaggatg tgattgtaaa tgaagatgga 360
agaaataagc tgaaaaaaca aggagaaact cccaatgaag tctgtatgtt ttccttagct 420
tatggtgata ttccagaaga attaatcgat gtctcagatt tcgagtgttc tctctgcatg 480
20 aggttggttt ttgagccagt aacaacccct tgcggacatt cgtctctgta gaattgtctt 540
gagcgttgtt tagatcatgc accatattgt cctctttgca aagaaagcctt aaaagagtat 600
ctagcagata ggaggtactg tgtcacacag ctgttggag gaattaatag tgaagtatct 660
gcctgatgaa ctgtctgaga gaaaaaaaa atagtatgaa gaaactgctg aactctcaca 720
cttgaccaag aatgttccaa tattgtttg cactatggcc taccactg tgccctgccc 780
25 tctccatgta tttagccaa gatacagatt gatgattcga agaagtatac agactggaac 840
caaacagttt ggcatgtgtg tcagtgtatc acaaaatagt tttgcagatt atggttgtat 900
gttacaaatt agaaacgtgc atttcttacc ggacggaagg tctgtggttg atacagttgg 960
aggaaagcgg tttagggttt taaaaagagg aatgaaagat ggatattgca ctgccgacat1020
tgaatatctg gaagatgtta aggttgagaa tgaagatgag attaagaatc tcagagagct1080
30 tcatgatttg gtttactctc aagcctgcag ctggtttcag aatttaagag acagatttcg1140
aagccaaatt cttcagcatt tcggatcaat gcccgagagg agggaaaacc ttcaggcagc1200
ccctaattgga cctgcatggt gttggtggct tcttgacagt ctccctgtag acccacgata1260
ccagctgtcg gttttgtcaa tgaagtcttt gaaagaacgg ttgaccaaga tacagcatat1320
actgacctat ttttctagag accaattcta agtaactaac tctttgggat cttccctttg1380
35 aaagttgacc cctaattctt gggctgcat ttggttggg 1419

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5

```

agcgcgggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgtg 60
aaggggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gacccgggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggaag180
gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
10 cccatgaaag ctgtgggact ggcctgggcc atcggttcc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggc tcagggttc ccccagagt420
gccccgtccc ctgatgttg gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
15 ccagagggcg catgaagccc aggtctgtgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaaagg caaataaagt tattgagtg ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaagtgcgac c 671

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 524 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

```

aagtgttctc agatgctgat gtttgaagg tcccggtggg gccatgagga agaagaggag 60
ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctctttgatg catgaacaag atttgaatat120
45 ctcaagcctg taaagaatac ccctgctatt taaataaagc tcataccaag aggtaacatt180
ttgccccggg ccaaattcag ggtctagtg ccctgcattc ctttgaggca aaaaataaat240
gggctatgac tggttaaatg tccaaaaggc gaattctcat ttcatcaca caaagacaga300
tttgcgcat cactcaagca gaatgtggc atgaatattc agcccctgca tacatacaaa360
gatgtacgca tgattcccc caccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac420
50 atgcacacac gcgctgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacacat480
gcacacatgc acacagtgac acacatgcac acacggacac actt 524

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 345 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

25 aaactttctt tctacaaaa .atcaaaagct tagctgatag atcatgaaaa tagattatga 60  
acagtgaat tcctgagaag gctgaaagt cggggaacca aagcagggga gattagcctt120  
agtccggagg agggagaagc agatggaagt cagcagcctg ccttggtttt acgtgtaata180  
tttaaatttg caaattgtat tacaggagg cctactttct gtttttatca agagtttttc240  
ttttgttcaa agacactggt tatgggaata ttttgaaagg gtaagaaacg ctggtataaa300  
aagggtgtgc agattaattt tgaaggtcct tacggaacca gtccc 345

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
35 (A) LÄNGE: 1060 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
40 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

5  ggcggtccca ggcaggccca gaagctgggc agcctctgcc gggttccggg aaaaggagct 60
   cctgctgcca ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120
   tcttctatga cgtgctgtcc cctactcctt ggctgggctt cgagatcctg tgccggtatc 180
   agaatatctg gaacatcaac ctgcagtgtc ggcccagcct cataacaggg atcatgaaag 240
   acagtggaaa caagcctcca ggtctgcttc cccgcaaagg actatacatg gcaaatgact 300
   taaagctcct gagacaccat ctccagattc ccatccactt cccaaggat ttcttgtctg 360
   tgatgcttga aaaaggaagt ttgtctgcca tgcgtttcct caccgccgtg aacttggagc 420
10 atccagagat gctggagaaa gctccccggg agctgtggat gcgcgtctgg tcaaggaatg 480
   aagacatcac cgagccgcag agcatcctgg cggctgcaga gaaggctggt atgtctgcag 540
   aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgccaaa ggtgaagaac cagctcaagg 600
   agaccactga ggcagcctgc agatacggag cctttgggct gcccacacc gtggcccatg 660
   tggatggcca aaccacatg ttatttggct ctgaccggat ggagctgctg gcgcacctgc 720
15 tgggagagaa gtggatgggc cctatacctc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780
   cggaggaagc aaactcttcg tataaaaaaa gcaggccatc tgcttaacct ttggctccac 840
   cataaggcac tgggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggccctggga 900
   gctgtctgtc ttccccctac cccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960
   gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gcccgaattc tgctttccca 1020
20 caaataaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaaaaaa 1060

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

45  ctctctctct ttctgtctct tctctgctcc ctctctttct ctctctctct tgccttccca 60
   gtgcataaag tctctgtcgc tcccggaaact tgttggcaat gcctattttt tggttttccc 120
   ccgcgttctc taaactaact atttaaaggt ctgcggtcgc aaatggtttg actaaacgta 180
   ggaatgggact taagttgaac ggcagatata ttctactgat cctcgcggtg caaatagcgt 240
50 atctggtgca ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgatgc ggtcttcaag ggcttttcgg 300
   actgttttgc caagctgggc gacacatggc caactaccgc caggcctgga cgacaagacg 360
   aacatcaaga ccgtgtgcac atactgggag gatttccaca gctgcacggt cacagccctt 420
   acggattgcc aggaaggggc gaaagatatg tgggataaac tgagaaaaga atccaaaaac 480
   ctcaacatcc aaggcagctt attcgaactc tgcggcagcg gcaacggggc ggcggggtcc 540
55 ctgctcccgc cgttcccggg gctcctgggt tctctctcgg cagctttagc gacctggctt 600
   tccttctgag cgtggggcca gctccccccg cgcgccacc cactcact ccatgctccc 660

```

```

5  ggaaatcgag aggaagatcc attagttctt tggggacgtt gtgattctct gtgatgctga 720
   aaacactcat ataggattgt gggaaatcct gattctcttt tttatttcgt ttgatttctt 780
   gtgttttatt tgccaaatgt taccaatcag tgagcaagca agcacagcca aaatcggacc 840
   tcagcttttag tccgtcttca cacacaaata agaaaacggc aaaccacccc cattttttaa 900
10 ttttattatt attaatTTTT tttgttggca aaagaatctc aggaacggcc ctgggccacc 960
   tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tcctcctaag aggaaggcga1020
   ggagaggaga aggccagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacgg1080
   gaataattca cgctcacgtc gttcttccac agtatcttgt tttgatcatt tccactgcac1140
   atttctctc aagaaaagcg aaaggacaga ctggttggctt tgtgtttgga ggataggagg1200
15 gagagagggg aggggctgag gaaatctctg gggtaagagt aaaggcttcc agaagacatg1260
   ctgctatggg cactgagggg ttagctttat ctgctgttgt tgatgcatcc gtccaagt1320
   actgccttta ttttccctcc tccctcttgt tttagctgtt acacacacag taatacctga1380
   atatccaacg gtatagatca caaggggggg atgttaaatg ttaatctaaa atatagcta1440
   aaaaagattt tgacataaaa gagccttgat tttaaaaaaa aaagagagag agatgtaatt1500
15 taaaaagttt attataaatt aaattcagca aaaaaagatt tgctacaaag tatagagaag1560
   tataaaataa aagttattgt ttgaaaaaaa agtgctgttt gtttctacc ccaacctgct1620
   ttcttgaccc agttctcagg gaacctgaag ggacacagga tgccggtgat aagctcacct1680
   cttcaggaag ccgcttcaag cagacctgcc accttcaagc a 1721

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

45  accctgtggt cccgggtttc tgcagagtct acttcagaag cggaggcact gggagtccgg 60
   tttgggattg ccaggctgtg gttgtgagtc tgagcttgtg agcggctgtg gcgccccaac 120
   tcttcgccag catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgagt ctgcaagact 180
   gggaggaaact ggggtgataa gaaatctatt cactgtcaaag gtttattgaa gtcaaaatgt 240
   ccaaaaaaat cagtggcggg tctgtggtag agatgcaagg agatgaaatg acacgaatca 300
   tttgggaatt gattaaagag aaactcattt ttccctacgt ggaattggat ctacatagct 360
50  atgatttagg catagagaat cgtgatgcca ccaacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420
   aagctataaa gaagcataat gttggcgctc aatgtgccac tatcactcct gatgagaaga 480
   gggttgagga gttcaagttg aaacaaatgt ggaatgcacc aaatggcacc atacgaaata 540
   ttctgggtgg cacggtcttc agagaagcca ttatctgcaa aaatatcccc cggtctgtga 600
   gtggatgggt aaaacctatc atcataggtc gtcattgctt tggggatcaa tacagagcaa 660
55  ctgattttgt tgttctctgg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720
   cccaaaaggt gacatactg gtacataact ttgaagaagg tgggtggtgt gccatgggga 780
   tgtataatca agataagtca attgaagatt ttgcacacag ttccttccaa atggctctgt 840

```



```

ctaaggggtg gcctttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatgggc 900
gtttttaaga catctttcag gagatatatg acaagcagta caagtcccag tttgaagctc 960
aaaagatctg gtatgagcat aggctcatcg acgacatggg ggcccaagct atgaaatcag1020
agggaaggctt catctggggc tgtaaaaact atgatgggtga cgtgcagtcg gactctgtgg1080
5 cccaagggtg tggtctcttc ggcatgatga ccagcgtgct ggtttgtcca gatggcaag1140
cagtagaagc agaggctgcc cacgggactg taaccgctca ctaccgcatg taccagaaag1200
gacaggagac gtccaccaat cccattgctt ccatttttgc ctggaccaga gggttagccc1260
acagagcaaa gcttgataac aataaagagc ttgccttctt tgcaaatgct ttggaagaag1320
tctctattga gacaattgag gctggcttca tgaccaagga cttggctgct tgcattaaag1380
10 gtttacccaa tgtgcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagttcatg gataaacttg1440
gagaaaaactt gaagatcaaa ctagctcagg ccaaacttta agttcatacc tgagctaaga1500
aggataattg tcttttggtg actagggtcta cagggtttaca tttttctgtg ttacactcaa1560
ggataaaggc aaaaatcaatt ttgtaatttg tttagaagcc agagtttatc ttttctataa1620
gtttacagcc tttttcttat atatacagtt attgccacct ttgtgaacat ggcaaggga1680
15 ttttttacaa tttttatttt attttctagt accagcctag gaattcgtt agtactcatt1740
tgtattcact gtcacttttt ctcatgttct aattataaat gaccaaatac aagattgctc1800
aaaagggtaa atgatagcca cagtattgct ccctaaaata tgcataaagt agaaattcac1860
tgcttcccc tctgtgccat gaccttgggc acagggaagt tctgggtgtc tagatatccc1920
gttttgtgag gttagactgt gcattaaact tgacatgac tggaaacgaag tatgagtgc1980
20 actcaaatgt gttgaagata ctgcagtcac ttttgtaaag accttgctga atgtttccaa2040
tagactaaat actgttttag ccgcaggaga gtttggaatc cggaataaat actacctgga2100
ggtttgtcct ctccattttt ctctttctcc tcttggcctg gcttgaatat tatactactc2160
taaatagcat atttcaccca agtgcaataa tgtaagctga atcttttttg gacttctgct2220
ggcctggttt atttctttta tataaatgtg atttctcaga aattgatatt aaacactatc2280
25 ttatctcttc ctgaactgtt gattttaatt aaaattaagt gctaattacc attaaaaaaa2340
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1321 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

cctggaaaca agatccaaac ccaagtgacc ccgcccggaaa gtgaccacgt caggtttaaa 60
aattccaaca aaccgacgtg aacaaataga ccgaccaacc aaatatacaa tccgtcaaaa 120
tacattcact tccactacga aacccaaca aagggtgtga atgcccgcgc aggagagacg 180
5 gttttggttt catcaagtgt gtggatcgtg atgttcgtat gttcttccac ttcagtgaag 240
ttctggatgg gaaccagctc catattgcag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
tgctctctgc tcaaagaaat catgctatta ggattaaaaa acttcccaag ggcacgggtt 360

```

```

catttcattc ccattcagat caccgttttc tgggcacggt agaaaaagaa gccacttttt 420
ccaatcctaa aaccactagc ccaataaaag gcaaagagaa ggaggctgag gatggcatta 480
ttgcttatga tgactgtggg gtgaaactga ctattgcttt tcaagccaag gatgtggaag 540
gatctacttc tcctcaaata ggagataagg ttgaatttag tattagtgaac aaacagaggc 600
5 ctggacagca ggttgcaact tgtgtgcgac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
tcttgggtta tgtggcaact ctgaaggata attttgatt tattgaaaca gccaatcatg 720
ataaggaaat ctttttccat tacagtgaat tctctggtga tgttgatagc ctggaactgg 780
gggacatggt cgagtatagc ttgtccaaag gcaaaggcaa caaagtcagt gcagaaaaag 840
tgaacaaaac aactcagtg aatggcatta ctgaggaagc tgatcccacc atttactctg 900
10 gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgttg atccaacaca gactgagtac caaggaatga 960
ttgagattgt ggaggagggc gatatgaaag gtgaggtcta tccatttggc atcgttggga 1020
tggccaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagttccaa ttgtgtgtcc 1080
tgggcaaaaa tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gccacagtgg 1140
aatgtgtgaa agatcagttt ggcttcatta actatgaagt aggagatagc aagaagctct 1200
15 ttttccatgt gaaagaagtt caggatggca ttgagctaca ggcaggagat gaggtggagt 1260
tctcagtgat tcctaagagt tcaggcggac tggcagggtc aggcgcctgt agatgttttg 1320
g 1321

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 384 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

```

ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagctcaca gccgaataag ccaccatgag 60
45 gctgtcagtg tgtctcctga tggctctgct ggccctttgc tgetaccagg cccatgctct 120
tgtctgcccc gctgttgctt ctgagatcac agtcttctta ttcttaagtg acgctgcggt 180
aaacctccaa gttgccaaac ttaatccacc tccagaagct cttgcagcca agttggaagt 240
gaagcactgc accgatcaga tatcttttaa gaaacggcct ctcatattgaa aaagtcctgg 300
50 gtgggaatag tgaaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tgggtttcca 360
aagtcttttc aacggcaacc tgat 384

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 367 Basenpaare

- (B) TYP: Nukl insäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

20  
gggcactggt ggtccgggtc ctcaccaaac gattcatcgg tgactatgaa agaaatgcag 60  
gtaatctcta tactagacaa gttcagatag aagggtgaaac cctggctctt caggttcaag120  
acactccagg tattcaggtc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaataggt180  
gcattcgctg ggcagatgct gtggtgatcg tttctccat cactgactac aagagctatg240  
25 aactcatcag ccagctccac cagcacgtgc agcagctaca ccttgggcac ccggctgcct300  
gtgggtggtc gtgggccaac aaaagtgacc tgttgacat caaacagggt gaccctcagc360  
ttggact 367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2621 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

5  gggcctttgc ccgccttggc ggcgggtctt acgttccctg ttctcgctg cagctccgcc 60
   atggctccta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
   agccgcaatc tctcggccaa gtccctccgcg ctcttcttcg gaaacgcgtt catcgtgtct 180
   gccatcccca tctggttata ctggcgaata tggcatatgg atcttattca gtctgctgtt 240
10 ttgtatagtg tgatgaccct agtaagcaca tatttgtag cctttgcata caagaatgtg 300
   aaatttggtc tcaagcaca agtagcacag aagaggagg atgctgttc caaagaagtg 360
   actcgaaaaa tttctgaagc tgataatga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
   atcttggtga agaagaatga agttgctgat tatgaagcta caacattttc catcttctat 480
   aacaacactc tgttcctggt cgtggtcatt gttgcttcct tcttcatatt gaagaacttc 540
15 aacccacag tgaactacat attgtccata agtgcttcac caggactcat cgccctcctg 600
   tctactggct ccaaatagac caatgtcgtc tcacccctg gctttgtgtc tatgggtggc 660
   ctgtggtata tggaaaagta gcagggtggt cagggtggga gacacaagat gtttttatag 720
   tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta tttgtttatt ggctgttttt 780
   tgacagattg ttgaaattaa atgaattgaa agggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
20 aaaaggaaaa aaatgtcttg caatgtcgtc taatcacaag aggagaaaat aactgttttc 900
   cttgatctgt cagaggtcac agtaacctgg gccgagctgt tattatttat tataataatg 960
   tagtaggaag ttaataactg gttctctgtg ttccaagcac aatattacaa cttcttttga1020
   accgtaaata tcagaatgaa tctcttccac aggggattga acagaagctt aatgtttacal180
   agtgtttgaa tttgtgatct gaaataaac gaaattaaaa acatgatttc tctaattttc1140
25 caactagagg aagagaaaact tgtggaaaac ttctttttt ttcgttttt tttcttaaag1200
   aagggcagcc aaggtagtaa cctaaaaata gtgccaggc atatgagagt tgtcctacga1260
   ggtaaagaa cacactgttc cactgtatgg ctttggccct gaggggccag ggaggtcaac1320
   ttgacctgc catgttggtt tgacttacta agacacagga atcattgttt tccttgacca1380
   ggtgtcacca cctggaggaa atgtaaagta agagaaaagaa cctcttccct gaatttgac1440
30 atgtaaaaga ccaaagtaat tttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaat1500
   ttacagtgat tttagtgtt gtcagcattt ttccatgagg actttcatac atttgactct1560
   ttagttcaca ggttcccat gattgtgagc aagatattta tctctttagc ccttggggat1620
   ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccgtgtat gtacagatat catttcttgt1680
   gtatgccatg acttgaaaaa gtttgggaag ctcttttagca atatcagcta aaaggatatg1740
35 aaatcacagg tgatagcagt tgtcattcag taatttccta caagcagcac ccaaaaggaa1800
   atatagtcct aatctttact atccacttct aaatttaatg tgaatttcat acatgttatt1860
   agtggttttc tttataattt tataaaaaatt attcatcggg agtttaactt ccacttccat1920
   gctatcggat gtgttgggct ccatgcaaga acttggaaga aaaacaggca ggaatgcatt1980
   tgcataatga ccagatcat cattttctgc aactgagaat tatatttcat cattgcttct2040
40 agaagtctgc aattctttac tttcttttgg tgcattatta tctagtgcc atcactggat2100
   aatgtggagt gactagagaa gtcacatatc acgttaagg acagttagg taacacttta2160
   gaggtttatt atttttaaaa aacttttctt gaactcctgg ccaacatggt gaaaccccg2220
   ctctactaaa aataccaaaa ttagccaggc gtgatggtgg gtgcctgtaa tctcagctac2280
   ttgggaggct gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagaggttgc agtgagtcga2340
45 gatcgtgcta ctactgcctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa2400
   aaacccaaaa agttttcttt actgttggtt aaaaaaaaaa gccagaccat agtttgactg2460
   gtggcatgga atttggtgat caaataaatg catttgctta tttgacaaac aaaaagtgtc2520
   cactattggt gaccgaggtg gggcggtttt tttgaaattg ggggggaaat ttgcccggtg2580
   gtgggagggc ctttgtgggg ggggaaaaat tgcccccttg g 2621

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2019 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

10

15

20

25

30

35

40

45

```

ctgtatccta atttcttggg gaatgaactc attctttaaac agaagcaaag atttgaggaa 60
aagagggttca aattggacca ctcagtgagt agcaccaatg gccacaggtg gcagatattt 120
caagattggg tgggaactga ccaagataac cttgatttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180
gagttactag tgcagaagaa gaaacaactg gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240
attcttatgg aattcctcaa gggtgcaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300
cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tggaagaaat gagtggctta 360
tactctctcg tcagtgagga tagcacagtg cctcaatttg aagctccttc tccatcacac 420
agtagtatta ttgattccac agaatacagc caacctccag gtttcagtgg cagttctcag 480
acaaagaaac agccttggta taatagcacg ttagcatcaa gacgaaaacg acttactgct 540
cattttgaag acttggagca gtgttacttt tctacaagga tgtctcgtat ctcagatgac 600
agtcgaactg caagccagtt ggatgaattt caggaatgct tgtccaagtt tactcgatat 660
aattcagtac gacctttagc cacattgtca tatgctagt atctctataa tggttccagt 720
atagctctta gtattgaatt tgaccgggat tgtgactatt ttgcgattgc tggagttaca 780
aagaagatta aagtctatga atatgacact gtcattccag atgcagtggg tattcattac 840
cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaa atcagctgta tcagttggag tagttaccat 900
aagaacctgt tagctagcag tgattatgaa ggcactgtta ttttatggga tggattcaca 960
ggacagaggt caaagggtcta tcaggagcat gagaagaggt gttggagtgt tgactttaat1020
ttgatggatc ctaaaactctt ggcttcaggt tctgatgatg caaaagtga gctgtggtct1080
accaatctag acaactcagt ggcaagcatt gaggcaaagg ctaatgtgtg ctgtgttaaa1140
ttcagccctt cttccagata ccatttggct ttcggtgtg cagatcactg tgtccactac1200
tatgatcttc gtaacactaa acagccaatc atggtattca aaggacaccg taaagcagtc1260
tcttatgcaa agtttgtgag tggtaggaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagcta1320
aaactgtgga atgtagggaa accatactgc ctacgttcct tcaagggtca tatcaatgaal380
aaaaactttg taggcctggc ttccaatgga gattatatag cttgtggaag tgaaaataac1440
tctctctacc tgtactataa aggactttct aagactttgc taacttttaa gtttgatacal500
gtcaaaaagt ttctcgacaa agaccgaaaa gaagatgata caaatgaatt tggtagtgct1560
gtgtgctgga gggcactacc agatggggag tccaatgtgc tgattgctgc taacagtcag1620
ggtacaatta aggtgctaga attggtatga agggttaact caagtcaaat tgtacttgat1680
cctgctgaaa tacatctgca gctgacaatg agagaagaaa cagaaaatgt catgtgatgt1740
ctctcccaa agtcatcatg ggttttggat ttgttttgaa ttttttttc tttttttctt1800
ttccctcctt tatgaccttt gggacattgg gaatacccag ccaactctcc accatcaatg1860
taactccatg gacattgctg ctcttggtgg tgttatctaa tttttgtgat agggaaacaa1920
attcttttga ataaaaataa ataacaaaac aataaaagtt tattgagcca caaaaaaaa1980
aaaaaaaaa aaaaaagaaa agaagggagg agggaaagg

```

2019

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1866 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
15  gtggttgctg  tgacaggcac  tatttgaagt  gctttatcat  ggattaactc  ttaatcctca  60
    gctaccgtat  aaagtaggac  ataaccccat  ttcacatgca  ctacactgag  acttgccctc  120
    tctcccccac  cattgaagat  gttctttttt  cataactata  tactattcca  ttgcatgaat  180
    attctgtaat  ttatttaaat  ccctatggat  tgataattag  gttcattata  gatagaagtg  240
    taattaacat  tcctgtacat  gtattttgct  acttggtggt  gtatttctgt  aggatgaata  300
    actagaaatt  tattggatca  ggtttcacat  ttgcagtttt  gaaaactact  accaaaaaga  360
    20  tttcaccaat  ttacaactcc  atcattagta  agaatgcctg  tttgcctata  gtctgccaac  420
    cctgaatcct  taaaaatttt  tgccaatctg  gtaggcaaaa  tttctttctt  ttctttgaat  480
    attaatgagg  aggaacatct  tttcatgttt  cttggccatt  tgcatttcct  attatgaatt  540
    gcttttgccc  attttccttt  ttttaattat  gaaagtctaa  tgactacctt  ctcatgttat  600
    aaaaaacaca  gttctttgaa  tagagagacc  cttttctcca  atgctaccaa  tcacattcca  660
    25  cttaccacag  tttaacatac  atcctctagt  cacctttccg  tacgaatata  catacacata  720
    aaaaacactt  ttacataaat  aggatctcat  attctgtagc  tttttaaaat  tttgggtctc  780
    aaaaaagata  acaggtcttt  aaatttcttt  aatggttgaa  tatgattaaa  tactatgaaa  840
    atgcccattt  ttattccctt  aatttttttc  ctctcgctat  tacattgcca  aagtaaacat  900
    cctattcaga  tgtctttgtg  catgtgtgtg  aatatttctt  tagtctggag  tccagtaagg  960
    30  tggatttttg  gatcaaaggg  tttgttctct  gtccaccttc  agtcttccca  aaggccttca  1020
    taactgtatt  ttcaccaagt  gtatggagaa  tgttcatttc  cccatataac  catacctaca  1080
    cttgatagtt  tttatctgtt  gggcgaaaaa  gaaccttttc  ttattttgca  tttccctgat  1140
    tataaaaaaa  aatgggtgaga  ttggggttat  tttcatgttt  attggccatt  tatagtttac  1200
    tgtggattgt  ttgtatccct  tacctgcttt  ctattgggtt  atgtgtggat  atattgtttt  1260
    35  tatttgttca  gcatctcctt  ccccatcttc  tggtaacaca  acctttattt  atttgtgggg  1320
    aacctattcc  ctgtggctta  ggtgagcatg  tgaccaggcc  tggcctcctg  agtcccacag  1380
    cttcctagcc  acagtgataa  aagaatgggt  atataactta  agccaggcta  aggaaagccc  1440
    ttaacagaac  ttctgctgga  actactggaa  agaaggcttt  atggagatcc  caggaaccaal  1500
    ggaccatgta  agcctgaatt  tgtgccatgt  ggagagagtc  tgtctgagga  gaaactcgga  1560
    40  tgctagcaga  aatggaaaga  gaactaagtt  ctgatgtcat  ttttctggag  gccctagatc  1620
    cagctgtgcc  taaagcctgc  cctacctccg  gactttaaag  ttttgtgagc  caataaagtc  1680
    cctttcttgt  ttaagataat  tgaattgagt  ttctgttctg  attaatatag  gttatttgta  1740
    ttttcttatt  gattttaga  aaacctttgt  aattttaaat  tctagacttt  atgcactata  1800
    taagttaata  aaattagcat  ggccttccat  gaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  1860
    45  aaaaaa  1866
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1189 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```
15 ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccgggggatgg 60
ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggtctt ctgtgccact 120
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240
aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgtctctg acaagtcggg 360
20 aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct cctgcttctt cttctgtcac 420
ccccgctoct ctccccagag aggtcctctg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
tctgactgtc cttgacttct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
25 atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
aaaaagctga actgcaaatc tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
30 ctagggttaag gaaggagata aatgaggaag aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020
tatatgccat ggaattataa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaaag acagttctgt 1080
cttcaatacc tctgcatcca gatgacttta aaaggctcag gagtaaaagt ttatgatgat 1140
gggcaaaagt ccagtgtatt cagtaaaagt ctaatcacia gttggagggt 1189
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare  
40 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
45 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

5   gagctcgag  ctccgcccgc  gcctggctcc  agcgcccgcg  gcgcgcgctc  cccggcccaa  60
    ccatggcgctc ctccgcccgc  ggctgctgtg  tgatcggttg  cagtggagtc  attgggcgaa  120
    gtgggccatg  ctgtttgcca  gtggaggctt  ccaggtgaaa  ctctatgaca  ttgagcaaca  180
    gcagataagg  aacgccttgg  aaaacatcag  aaaggagatg  aagttgctgg  agcaggcagg  240
    ttctctgaaa  ggctccctga  gtgtggaaga  gcagctgtca  ctcatcagtg  gttgtcccaa  300
10  tatccaagaa  gcagtagagg  gtgccatgca  cattcaggaa  tgtgttccag  aagatctaga  360
    actgaagaag  aagatttttg  ctcaagttaga  ttccatcatt  gatgatcgag  tgatcttaag  420
    cagttccact  tcttgtctca  tgccctccaa  gttgtttgct  ggcttggctc  atgtgaagca  480
    atgcacgtg  gctcatcctg  tgaatccgcc  atactacatc  ccgctggttg  agctggtccc  540
    ccacccggag  acggccccta  cgacagtggg  cagaaccac  gccctgatga  agaagattgg  600
15  acagtgcctc  atgcgagtc  agaaggaggt  ggccggcttc  gttctgaacc  gcctgcaata  660
    tgcaatcatc  agcgaggcct  ggcggtcagt  ggaggaagga  atcgtgtctc  ctagtacct  720
    ggaccttgct  atgtcagaag  ggttgggcat  gcggtatgca  ttcattggac  ccctggaaac  780
    ctgcatctc  aatgcagaag  gtatgttaag  ctactgcgac  agatacagcg  aaggcataaa  840
    acatgtccta  cagacttttg  gacccattcc  agagttttcc  agggccactg  ctgagaaggt  900
20  taaccaggac  atgtgcatga  aggtccctga  tgaccggag  cacttagctg  ccaggaggca  960
    gtggagggac  gagtgcctca  tgagactcgc  caagttgaag  agtcaagtgc  agccccagt  1020
    aatttcttgt  aatgcagctt  ccactcctct  cattggaggc  cctatttggg  aacactgcaa  1080
    gcccttaate  agccctctgt  gacataggta  gcagcccacg  gagatcctaa  gctggctgtc  1140
    ttgtgtgcag  cctgagtggt  gtggtgcagg  ccggtagtct  gcccgtcact  ttggatcata  1200
25  gccctgggac  tggcggcaca  gcagcacttg  cgttctcggg  gctgtcgatt  tctgccacc  1260
    tgggcagata  acctggagat  ttccaccttt  tctttttcag  cttgattgca  tttgagtatg  1320
    atttgacagc  cagtgtattg  agttttcatg  ttaatatgtg  ggcaaaatat  ttttgaatt  1380
    atttttgtaa  tccctttctg  agtaatctgg  gggtcctt  1418

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

55  gcagcaacgg  ggtgcggcag  ggtggggaac  gcgggagggg  gccagctccc  aggaaagctg  60
    gtctgcgagc  ggcccctgcc  cggctcccag  gtccctgcgc  gaccccgccc  ttcccagac  120

```



```

cccagccggg ctgccgcccg cgtcccgga gctccagcct gaaccatggt tttcacttgt180
ggcccaaatg aggccatggt ggtctccggg ttctgccgaa gccccccagt catggtggct240
ggagggcgtg tctttgtcct gccctgcac caacagatcc agaggatctc tctcaacaca300
ctgaccctca atgtcaagag tgaagggtt tacactcgcc atggggtccc catctcagtc360
5 actggcattg cccaggtgaa gctttcagag ccttttcccc acagtccact tccccatcac420
cctctctccc agacattaag acatctctcg gccacagtct tctcaaccct tgcctgcaga480
gaagttctct tgctagtctc atcttttcca ggcaccccaa ggcacttgcc tcctcctcct540
ttctttccct gaaatggaag aagcatttct gagagggtc tcccttctct ctctgctttt600
cctctgactt catgagaccc ccaccacacc ttctctaccc ctactctggc tacaggtaaa660
10 aatccagggg cagaacaagg agatgttggc ggccgcctgt cagatgttgc tgggggaagac720
ggaggctgag attgccaca ttgccctgga gacgttagag ggccaccaga gggccatcat780
ggccacatg acttgtggga ggttgggct taga 814

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3039 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttggtt ggcaaaattc 60
40 tagggaaact tggccagaaa actgggtgtt aaggcttttg ctcatataaa caagtgccat 120
tgagtttcaa atgaccagca aatatattta gaacccttcc tgttttatgt ctgtacctcg 180
tccacccttc aggtaatacc tgcctctcac aggtacagct gtttcttggg aatcctccaa 240
ccaaatagca gttttcctaa cttgattagc ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300
tctggccaca gctgatgagg gctttctgta ctgcacacag attgtgtact gcaccccgat 360
45 ccaggtgact ggtacccact cgagttgtgc cgtgcaaaac ctgtccagta tatgcatgtg 420
gtggccctac tgactggtaa tggtagagg catttatgga ttttaagctt tgaggaaaaa 480
ccatgacttt taacaaattt ttatgggtta tatgcctaaa cccttatgcc acatagtggg 540
aaataattat gaaaaatggg ctgttcataa ttggtagggt ccttttgtga gcaggagca 600
taattattgg tttattatgg taattatggg gattttttta atatcatgta atgttaaaac 660
50 gttttctaac agtttactgt tgcttatctc caagatatta tggaaattaag aatttttcca 720
gatgagtgtt acatagattc tttgaattta gtataaaagt actgagaatt aagtttgtac 780
ttccataagc ttggatttta aacactgata gtatctcatg agtaatgtgt gttttgggag 840
agggaggggt gctgattgat atttcacatt gtatgaaata ccatgtttga aactcatagc 900
aataatgcta tgctgttggt atccctctca agttctgcat ttaaaatata ttttttcttt 960
55 ataggaattg atgtatacca tgaagtcatt gtcagttgta gtagctctga tgttgaatga1020
gatatcatgt tttagcattc cattttactg actagggtag aagaacactt ttcttggtctal080
catttggaagg ataccagggt agtcttgggt gttccttatc tggggaagca aacatttcac1140

```

```

tagtctcttt ttttcatacct ttaaattgta aattaaggat tactcaagct caccattatt1200
caagattggg actcgcttcc cagtcgacac tctgccctgc ctgtcattgc tgcaaagagc1260
tgctgctttg ccaacctaag caaagaaaat acggcttctc ttgcattatt ttcccttttg1320
gttggtttgt tttctagaag tacgttcaga tgctttgggg aatgcaatgt atgatttgc1380
5 agctctctca ccacttaact cactgtgagg ataaatatgc atgctttttg taattaactg1440
gtgctttgaa aatctttttt aagggagaaa aatctcaacc aaagtattgc tcatccagac1500
aagctgacct ttgagttaat ttcagcacia ctcattcttc agtgcctcat gactgaaaac1560
aaaaaacaaa aaaacgaaag catcttcaca atgaagcttc cagatagcac cgttttgcta1620
aaagatacat tctcattggt ttccaacagt gatggcttcc acataagggt aaacaaacta1680
10 ggtgcttgta aataatttat tacagtttac tctatcgcat ttctgtaaca tgaaatgcat1740
gcccttcttc aggggaagac tgtggtcaag ttacaaaaaa aaaacaatat taacaacat1800
gaaactgcag tctgtttttg aaaatgagaa tgctcctaagt gattcagaag agaggaggga1860
agtgtgtcac tctgaaaatg catgaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgtaga1920
actgttaact gagacggcct cgagctcttc ttctggaatc tgtaaaattt cacaaagtca1980
15 tgagggtaaa tggagaaaat atttctggga ttacaatgaa tgtaagccca aattgtggaa2040
ttgccagtaa cctggatggg gaaaagcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgc2100
ctgtgagatg ttcatcagtg ttttatagaa atgggtgttg tgaggaaacca agtttgcacc2160
tggaacttta caatgcactt tagcgcagta agggcttggc atccggtagt gaaaaactgt2220
ctaaccacgc attgcccata ctattttgac accaggacct tttctcctt tgggatactt2280
20 atgaacctct cactaatgtc ctgtggagaa cattttggga aacactatgt tagatagttc2340
tttaaggaga caaacggta atgaacagat agcactgggg cagaatatgc atgcattttg2400
taacgtccag tgtggcggtg aatagatgtg tatttcctcc cctgcagaaa ataagcacag2460
aaaattataa tgtaggtgat cggagctctt tcctttgata gagagaacag ccccaatgat2520
cctggctttt tcactgaacg tatcagaata catggatgaa ttggggtaaa taaggtttta2580
25 attcagatct agaagaaagt attgtacggt tgaatgcaga tttttatcca cagatagttg2640
tagtgtttag acatgacagg acctatcggt gaggtttcta agacttacta tgggctgtaa2700
acctgttttt taaaactatt ttagaaacct gagacttgcc gtctggcatt ttagtttaat2760
acaaactaat gattgcattt gaaagagatt cttgacctta tttctaaacg tctagagctc2820
tgaaatgtct tgatggaagg tattaaacta tttgcctggt gtacaaagaa atgttaagac2880
30 tctgaaaaag aattactata aggtactgtg aaataactgc gattttgtga gcaaaaacata2940
cttggaatg ctgattgatt tttatgcttg ttagtgtatt gcaagaaaca cagaaaatgt3000
agttttgttt taataaacca aaaattgaac ataaaaacc 3039

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1448 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

5  taccaatctg aagggggaag cggcgccgcc atcgctccc ggcgctccct ccccgactcc 60
   taagtccttc ggccgccacc atgtccgcct cggctgtctt cattctggac gttaagggca 120
   agccattgat cagccgcaac tacaagggcg atgtggccat gagcaagatt gagcacttca 180
10  tgcctttgct ggtacacggg gaggaggaag gcgccctggc cccgctgctg agccaaggcc 240
   aggtccactt cctatggatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300
   atgccaatgc ctccctgggt tactccttcc tgtataagac aatagaggta ttctgcgaat 360
   acttcaagga gctggaggag gagagcatcc gggacaactt tgtcatcgtc tacgagttgc 420
   tggacgagct catggacttt ggcttccgcg agaccaccga cagcaagatc ctgcaggagt 480
10  acatcactca gcagagcaac aagctggaga cgggcaagtc acgggtgccca cccactgtca 540
   ccaacgctgt gtctggcgcg tccgagggta tcaagtataa gaagaacgag gtcttcattg 600
   atgtcataga gtctgtcaac ctgctgggtc atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa 660
   tcgtcggtag catcaagctc aaggtgtttc tgtcaggaat gccagagctg cggctgggcc 720
   tcaatgaccg cgtgctcttc gagctcactg gccgcagcaa gaacaaatca gttagagctgg 780
15  aggatgtaaa attccaccag tgcgtgcggc tctctcgctt tgacaacgac cgcaccatct 840
   ccttcatccc gcctgatggg gactttgagc tcatgtcata ccgcctcagc acccagggtca 900
   agccactgat ctggattgag tctgtcattg agaagttctc ccacagccgc gtggagatca 960
   tggtaagggc caaggggcag ttttaagaaac agtcagtggc caacgggtgtg gagatatctg1020
   tgctgtgacc cagcgatgcc gactccccca gattcaagac cagtgtgggc agcgccaagt1080
20  atgtgccgga gaaaaacgtc gtgatttggg gtattaagtc tttcccgggg ggcaaggagt1140
   acttgatcgc agcccacttt ggctccccca gtgtggaaaa ggaagagggtg gagggccggc1200
   ccccatcggg ggtcaagttt gagatccctt acttcaccgt ctctgggatc caggtccgat1260
   acatgaagat cattgagaaa agtggttacc agggccctgc cctgggggtt cgctacattc1320
   acccagagtg ggcgattacc aactttcggt accagctagg aaggggagaa gagatggggg1380
25  ggttttaaca cggggtttgc tttacagccc cggatgcaga tttttagaag ggagggcagg1440
   tcgggggtt

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1394 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

55  atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg 60
   gtggagtggc agcttagaat tgcagcagga gagaagattc ctttgagcca ggaagaaata 120
   actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatcctag caataacttc 180
   atgcctgtgg caggccatt agtgcacctc tctactctc gagcagacct ttccaccagg 240
   attgaaactg gagtacggca aggagacgaa gtttccgtgc attatgacct catgattgcg 300

```

aagtgggtcg tgtgggcagc agatcgccag gcggcattga caaaactgag gtacagcctt 360  
 cgtcagtaca atattgttgg actgcccacc aacattgact tcttactcaa cctgtctggc 420  
 caccagaggt ttgaagctgg gaacgtgcac actgatttca tccctcaaca ccacaaacag 480  
 ttgttgctca gtcggaaggc tgcagccaaa gagtctttat gccaggcagc cctgggtctc 540  
 5 atcctcaagg agaaagccat gaccgacact ttcactcttc aggcacatga tcaattctct 600  
 ccattttcgt ctagcagtgg aagaagactg aatatctcgt ataccagaaa catgactctt 660  
 aaagatggta aaaacaatgt agccatagct gtaacgtata accatgatgg gtcttatagc 720  
 atgcagattg aagataaaaac tttccaagtc cttggtaatc tttacagcga gggagactgc 780  
 acttacctga aatgttctgt taatggagtt gctagtaaag cgaagtgatt atcctggaaa 840  
 10 acactattta cctattttcc aaggaaggaa gtattgagat tgacattcca gtcccaaat 900  
 acttatcttc tgtgagctca caagaaactc agggcgggcc cttagctcct atgactggaa 960  
 ccattgaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtga agcgggagat tccctcatgg1020  
 ttatgatcgc catgaagatg gagcatacca taaagtctcc aaaggatggc acagtaaaga1080  
 aagtgttcta cagagaagggt gtcagggcca acagacacac tcctttagtc gaggttgagg1140  
 15 aggaagaatc agacaaaagg gaatcggaat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaagt1200  
 agtgtcttct ctctccacca aaaagaggaa gtgcctccag cttttctggg ggtctcataa1260  
 agagcagttt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca cctttcatat tggagaatca1320  
 tgcatttggg tctaatta tctcaaaaata tttcatacta ataaagttga attatttttt1380  
 attggaagcc aaaa 1394

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

gccgacaaga tgttcttctg gcctcttccg gctgcggggc gagtagtcgt ccgacgtctg 60  
 gccgtgagac gtttcgggag ccggagctctc tccaccgcag acatgacgaa gggccttggt120  
 ttaggaatct attccaaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaaag tgcaggagag180  
 aattttgata aattgttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatata tggaccacct240  
 ctgaaggcag ggaagactcg aaccttttat ggtctgcatac aggacttccc cagcgtggtg300  
 50 ctagttggcc tcggcaaaaaa ggcagctgga atcgacgaac agggaaaactg gcatgaaggc360  
 aaagaaaaca tcagagctgc tgttgacgagc ggggtgcaggc agattcaaga cctggagctc420  
 tcgtctgtgg aggtggatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgaggagg agcgggtgctt480  
 ggtctctatg aatacagatga cctaaagcaa aaaaagaaga tggctgtgtc ggcaaaagctc540  
 tatgggaagt gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc tgtttgcttc tgggcaagaa600  
 55 cttgggcacg ccaatttgat gggagacgcc agccaattga gattgacgcc aaccagattt660  
 tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttggtagtta gttaaaaccg aggtcctttt720  
 cagaccccaa tttt 734

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 692 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25 tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca gcgccatgga ggactctgaa gcactgggct 60  
tcgaacacat gggcctcgat ccccggtcc ttcaggctgt caccgatctg ggctggctcgc120  
gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg180  
ctcgggcccc caccgggtcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt240  
30 tgcctccatag gaaggcgaca ggtccgggtg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg300  
ttcctaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact360  
gtgctcggga tgtccgagt gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag420  
ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggttag tagggacccc atctcgcata ttaagccact480  
tgcagcaaga cagcctgaaa ctctgtgact ccctggagct tttgggtggtg gacgaagctg540  
35 accttctttt ttcccttttg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttcctc tggctacttt600  
gccccgggat tttacaagg cttttctcat gtcagctact tttaacgagg acgtacaagc660  
actcaaggag ctgatattac ataagccggt at 692

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 571 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

10

```
ctgccacgca cgactgaaca cagacagcag ccgcctcgcc atgaagctgc tgatggctcct 60
catgctggcg gccctcctcc tgcactgcta tgcagattct ggctgcaaag tcctggaggag120
catggttgaa aagaccatca attccgacat atctatacct gaatacaaaag agcttccttca180
agagttcata gacagtgatg ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtgtttcct240
15 caaccagtca catagaactc tgaaaaactt tggactgatg atgcatacag tgtacgacag300
catttggtgt aatatgaaga gtaatttaact ttacccaagg cgtttggctc agagggctac360
agactatggc cagaactcat ctgttgattg ctagaaacca cttttctttc ttgtgttgct420
tttttatgtg gaaactgcta gacaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480
actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517
```

20

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 322 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

40

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

45

```
tcaagctgtg ggtgagaagc tctctagcag ggactctgac cttatggagg atcgctgttt 60
ccccattttt tcctttttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcaccttca aacagcctgt120
gagcctaaat ttttgtggcc atgggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaaggag180
aaagtccctgc gacatctttg gccatcaaac tccaacccag tcaccaacc agagcctctg240
aggaatggcc ccttcttgcg gggaaccctt tacaatgggc ctcttgactg atgtttcccc300
50 aaaacagtgc ccctgtcatc ag 322
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1559 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gcacgagttg agagtgagtg tgtgtgtgtg cgtgtgcacg tgcacacatg tgcacggttg 60
tatgtatggg aaataaactt ataaatgggg acgtattgga gaaggaaata catagaccta 120
25 caactttgag caaatagcag tgatgtttta ggaactgaaa tgcacactt aaagtcttca 180
gcccgactac ttccctatctt ttggcgggga gaagagggcc tgattagaac tgttctgggt 240
gtgtttggcg ggagggaat aatttttgtt cagtccttct tagtgacca aacttaattt 300
ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360
gagtggagtt ctgtgttgct cacatgttaa aagcttgctc accttcagag cagagggaat 420
30 acctatcttc agatatccgc ccattttcat ctcttcatta tagtcaaaca gtgtgacttg 480
agagtgttgc tctggtgtct gtattctggc ttatgaagat ttttgaaaa agaactctta 540
ctacattgaa atgcagactt taaaaaattt aaatattgga ttaggcagtc aaaaaacca 600
acaagcataa aaggtcaata agttgtaatc taaaagtaa aggtggaaaa ctctattata 660
atggaagaaa agttttgatt tccttttttg tttgatgggc agtatgccat attataccca 720
35 aagttctttt aaaaaatatt tccatcaacc atttttattt aaaataaaca tttgagggaa 780
gttaccgaag cagctttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaat agcacatttt 840
aggggcatgg ttaatacctg agatttttac tcagtaaate ctgatgggta ctgtgtgtaa 900
aatatcttta agtaggattg aaggcctctg tgggggaata aaatattacc aaagtctata 960
aaaataaatt ttacatgttc tcttttatga cagagagcag cactggttct gttattttta 1020
40 aaatgaataa ttgatttctt gatagggtgt taatatttct tccctcactg ctgattctta 1080
gatagaaacc attctttata tttgatagac tgctttcaga aaaccttat caacaagtgt 1140
acaatactta tctaaaacta tacatttaga atggagcagt ttaatactag atctcagaag 1200
ttttgaaaaa tagcaaagaa gactggattt ggaaagcatg gtctacaatt ggttgtaaa 1260
ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaa ctttgatta tgaaaccca tttatgattt 1320
45 tttaaataca cttgaaataa aaatgattaa actaaatttt ggtccagtga cttactttgt 1380
cactgcataa tccattatac gttgtacgac tttttttttt ggtttgaaat aataactgag 1440
agttttgtgt gaagctacgg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacggtgat 1500
tatattatat gggggcattt gtagtgcagc ggaagacgga atttatgcct ttgggaaac 1559

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1072 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: inz I

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```
20 caccacgtgct gacggcgagg acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtgttcgc 60
gtccccccagt aaacacccca tggacagcaa gggggaggag tccaagatca gctaccccaa 120
catcttcttc atgattgaca gcttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180
gagatgggtct gtgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca gggggtcac 240
tttcagggtct ccatccgcta cgaggcgctc aagaaggtgt atgacaaccg ggtgagcgtg 300
gccgcccgcga tggcacagaa gatgtcgttt ggcttctaca agtacagcaa catggagttt 360
25 gtgcgcatga agggccccc gggcaagggc cagcccgaga tggcggtcag ccgagtgtct 420
acaggtgaca cagccccctg tgggactgaa gaggactcca gccagcttc gcccatgcac 480
gagcgggtga cctccttcag cagaccccc accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540
ttctccccc cctcaagag gaaggtgccc cggaaccgga tcgctgagat gaagaagtcg 600
cactcggcca acgacagcga ggagttcttc cgggaggacg acggtggagc cgatctgcac 660
30 aatgcaacca acctgcggtc tcggtccctg tcgggcacag gacggtccct ggtcgggtcc 720
tggttgaagc tgaacagagc agatggaaac ttcttctct atgcacactt aacctacgtc 780
acgttgccgc gcctcggat tttaacagac atcctggaag ttcggcagaa gccatcctg 840
atgacctagc cgcgtgcgga gcctgcgcag agccccggcc gggcccagcc ctcgagtgac 900
tgccaagtgc ctacctgtcc accgccaccg ggtctgcga tggcacgcca gtgttgagc 960
35 cgcagccagg cgaggccact cgactgccg ggcggggcc gactgcacga acaccagccc 1020
aaactgaagt gcctctgacg ggcctgtctg gcgctgcttc cgcctgtgc cc 1072
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 454 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```
gtgctgcatg gagtgagtgg cggcatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60
aggacccgcc aggaggggca tcacggaggc ttctggacga cttggagctg tgcctctggg120
agaaaaccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggagga agctgccatg cacttttccc180
tggcattttt cctgcatggt tcgtctgttt ttttgcaaat aacatgttgt catgaatttt240
tatgcatgag gcatatttca tcatgtctgt atgctgaagt ccccttcac ctttcaattg300
gttggtggac aggagagaga ggtccaaggt gccctacatc gtgcgccagt gccgtgggag360
gagatcgagc gccgaggcac ggaggaggtg ggcattctacc gcatgtctgg ggtggccgca420
15 gacatccagg cactgaaggc agccttcaac gtca 454
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 700 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

40

```
cttgctggag ccctaaccag gggatatctc gagcctggtg ggatccccgg agcgtcacat 60
cactttccga tcacttcaaa gtggttaaaa actaatattt atatgacaga agaaaaagat120
gtcattccgt aaagtaaaca tcatcatctt ggtcctggct gttgctctct tcttactgg180
tttgacccat aacttctcct gcttgagcag tttgttaagg aatgaggtta cagattcagg240
45 aattgtaggg cctcaaccta tagactttgt cccaaatgct ctccgacatg cagtagatgg300
gagacaagag gagattcctg tggtcacgc tgcatctgaa gacaggcttg ggggggccat360
tgcagctata aacagcattc agcacaacac tcgctccaat gtgattttct acattgttac420
tctcaacaat acagcagacc atctccggtc ctggctcaac agtgattccc tgaaaagcat480
cagatacaaa attgtcaatt ttgaccttaa acttttgtaa ggaaaagtaa aggaggatcc540
50 tgaccagggg gaatccatga aacctttaac ctttgcaagg ttctacttgc caattctggg600
ttcccagcgg caaaggaagg cccggtttaca tggggttgat gatgttattt gtggcagggtg660
ggattttttg ccctttacat tacagcagtg aggccggggc 700
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

25 ccggcctgcg gtgggcagca gctcaggttc tccaaatcat tgcgtagttc cgaataccct 60  
 cggccacacc tggccttctc catgctcgga ataacttcct gcagcgacca acaggctaaa120  
 gagggggaag ggatccagca ccggctcctc ctccggcaac cacggtggga gcggcgagg180  
 aaatggacat aaaccgggt gtgaaaagcc agggaaatgaa gcccgcgga gcgggaaatc240  
 tgggattcag ggcttcagag gacaggaggt ttccagcaac atgagggaaa taagcaaaga300  
 30 gggcaatcgc ctccctggag gctctggaga caattatcgg gggcaagggt cgagctgggg360  
 cagtggagga ggtgacgtg ttggtggagt caatactgtg aactctgaga cgtctcctgg420  
 gatgtttaac ttgacactt tctggaagaa ttttaaattcc aagctgggtt tcatcaactg480  
 ggatgccata aacaagaacc aggtcccgcc cccagcacc cgagccctcc tctacttcag540  
 ccgactctgg gaggatttca aacagaacac tcctttcctc aactggaaag caattattga600  
 35 ggggtgcggac gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccgagtcag aactacaatt660  
 acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtgggaagta ctcagtcag acccctgcaa720  
 agggggggag tctcaccttc ttctcgggt tcccgggtgc aacctgggcc tgcttgag780  
 tgggtgaagt tttgtaagg caatttcttg caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840  
 actgggttcg tcaagggaag ctcttccccc ctttggggcc cccagccttg tggcaggccc900  
 40 ctgggcccg gttg 914

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1669 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```
gagctgcagc agagcaggta acagctcttg cacctgtttc tcttgacact gacgtgcagc 60
tgcctctacc cacctctcct ggctgagcct tgcctgatac agcagcccgg aggaccact 120
15 tgcttcccga gtctcaccct cccaggcagc tcctacactc aactgcttct ctaggaaagg 180
tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaagcc ccctccttgg cttaggggagc 240
gccatgacga ctgaaattgg ttggtggaag ctgactttcc tccggaaaaa gaaatccact 300
cccaaagtgc tgtatgagat ccctgacacc tatgcccaca cagagggaga tgcagaacct 360
ccgaggcctg acgctggagg ccccaacagc gactttaaca cccgcctgga gaagattgtg 420
20 gacaagagca caaagggcaa gcacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480
aagaaagtga gagccacgct ggacagagaac cctaacctct ttgatgatca cgagggaagg 540
cggatcatcaa agtgaagggc tgaggagggt gctagcacct cttggctccc tgccatcagc 600
cagatctgag acaggacctt gccacgctgg cctctttggc catagctgaa gctgtggggc 660
cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttat gtgccgccac 720
25 ttttgtaagg cctgggagat cccagggtcc tccaccctcc ccctgaccac atacaaaggc 780
actctagtct aagagtgaag agtctcacc caggaggaaca gccctccttg aagcaatggc 840
agggccagca gggaggtggg catggcaggg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900
ctccttactg gacacagggt caagggcgag tttcaattgc tgctcccttt actttctcta 960
cctgtgacta ctccctggac caatcctgag gagggcacat tttccagaag ccacgtgata1020
30 ggggctggtt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctccaaacac1080
cggcagtaaa cttcctggaa ctttgccctc aggtgcggag gggacagagg accctggcac1140
tctgttaggg tgctgtagaa gactagattg atggtagttt ggctgttagg ttccgtgttt1200
ggccatgact tttgcagatg gcaagtcaca caccctcaa ggggaagctac acgggccaaa1260
tcgggggagt ggggtgggaa ttttctctc tccctttcct actataatag tatttaagac1320
35 atatcagctc cagagatgag tcctggagcc ttgaattttg tttaacaaaa taattgtagg1380
ttctctctg taataacaac gctggaaagg cagagaacct cttttatgct catgtcttgc1440
atattattgag atgactgttt ctcatgccct tatgttccct catgtaagta aagtggacct1500
ttgtgctcaa aaaaaaatt tcaagcttca ggaagggtt cccaagggtg gacaatgtag1560
gaacctgggt cactaatttt taccatcaaa cctagcctta gtatggggat ggggcaagca1620
40 gaaggagcta gttacacctc agtggctcagt tctctccagt caacagaga 1669
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 355 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

10 cccggcctccc ctgcgtctga ggctcggggg cccagctcc gcgtaaaactg caccgatttcg 60
   ccctctgctc agctccctc tgccccctct ttccaagaga gacttccaga tcccacattt120
   tcttgactga ttttgaagct gtctgtttgc attctgattg ggaacactgg gatcattttc180
   atcatgccga cagtgggtgt aatggatgta tccctttcca tgaccgacc tgtgtctatt240
   gaggggtccg aggaatacca gcgtaagacc tagcagccca tggtttaacg atgcttggtt300
15 tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca cttgtggttt ttcca 355
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 20 (A) LÄNGE: 2628 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```

40 ggggtgcgcct gctttcgccc tctttctcca gcgggagggg cgcggacttc cgcggggcgg 60
   agtcctgcta gtgctgacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gcgggctgca 120
   cattcccgtt gttgcgttgc gtttccttcc tctttcactc cgcgctcagc gcggcggcca 180
   aagcggcggc gacggcggcg cgagaacgac ccggcggcca gttctcttcc tectgcgcac 240
   ctgccctgct cggtcagtca gtcggcggcc ggcccccggc ttgtgctcag acctcgcgct 300
45 tgcggcgccc aggccagcg gccgtagcta gcgtctggcc tgagaacctc ggcgctccgg 360
   cggcgcgggc accacgagcc gagcctcgca gcggctccag aggaggcagg cgagtgagcg 420
   agtcagaggg gtggccgggg caggtggtgg cgcgcgaag atggtcgcca agcaaaggat 480
   ccgtatggcc aacgagaagc acagcaagaa catcaccag cgcggcaacg tcgccaagac 540
   ctcgagaaat gccccgaag agaaggcgtc tgtaggacct tggttattgg ctctcttcat 600
50 ttttgttgtc tgtggttctg caattttcca gattattcaa agtatcagga tgggcatgtg 660
   aagtgactga ccttaagatg tttccattct cctgtgaatt ttaacttgaa ctcatctctg 720
   atgtttgata ccctggttga aaacaattca gtaaagcatc ctgcctcaga atgactttcc 780
   tatcatgctt catgtgtcat tccaaggttt cttcatgagt cattccaagt ttctagtcc 840
  
```

```

ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaagc aataaaattt gattgttaag 900
atacagtagt ggaccctact tattcagtcg attaagagta agttttttta tgtgggttatt 960
aaaacagtat gaacaattag tctaactctg catagacagg gtctagattt tgttaaccca1020
aatgtataac tgcagtttagc ttaaattaca atttgaagtc ttgtgggttt tatatagcta1080
5  ggcactttat tactcttttg aactgaaagc acactccctt ataggttcat gtaactgtcc1140
tgtaataaagg tgcttataaa tgaacaact acacagccta gttttgccac aacctttagc1200
atctaaaaag ttttaaaaagc ttctaaatgt ctaatatataa gggagatgct tatagccaca1260
acatctattt taccaatatt gtttccatta cactaccttg gattttgcat gagttagtat1320
agtaacccaa gatgccataa aaaaaaactt gatcgttttc tgacttaatc agttactgtg1380
10 gtttcaactaa aagctaccgt ggtggagtga agtcagtcag ggaagggttg tttatgttac1440
atttattttca ccagaactat tttaatatat caaaggggtt tactatgcca aacaaaattc1500
tagggaaaaa tactgtctaaa aatggatgcc tcatcagaac atgctgttga gtccaatgtg1560
ccataagaca ttttagcatg ttaaatagca cttttaaattc tgacttaatc agttactgtg1380
gcgaagttat ccttagtttg caaatgcttt ttctagatta atgatttttc aatcattagg1680
15 gtactagaca catcagccta aagtggcatc tggaaattgaa tggatttact gataatgatc1740
agtcttttagt cttccctttg ttatatgact ttataggtta tgattgatca aatttacgtt1800
ttactaatgg taagggtgag ggtcataggg cagggttttg gttttctagt actggtgaaal860
actgcaagta ttggctattt gtatacttag ccataacttg gtgaaaaaaa acctgagcag1920
tgtctatgta ttaatgcgtt ggaaagaaag ctgcttggtg ttgctttgtt aattgcctca1980
20 ggataatttct tttaaaataa gctgttttaa gaggaacaga agggaaatct gctacctagt2040
ctatacacag cgtgaacctc acagggggct tctgataccc tcaaaccatgg agaacagtaa2100
gggagcagag tggtaagga ctttcaggaa ctttaactatt ctggaataag gaatgaatca2160
actgaccttg ggccagcagg tttttaacta aattgttact tgctttctc acccagttaa2220
tcagtctctg tacttgtttc cctttttgaa acaagtgtct tggttaacta attctgtttt2280
25 atgggtgtgc taaattcata gcagggtgct tattctttgc ttttagtcaa accattccat2340
atcagaattt tccttggttt actatagata tttggcttta agttgttgtt tgtgtttttt2400
aatgtacaat gttctgataa atttgactgt taaattgcta tagctagcaa tcattttaca2460
tatgtaaaaa tgcatccct ttgtatttca tgtgtaattc accaattaag tgcagtttat2520
attcagggtg gattatgcat gtttaggtaa acgaaagctg tgtcttactt gatttattct2580
30 ttaaaaaataa agttccctga atatttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2628

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 2535 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43
- 55 agttcggcac agggggagga acctggccct gggaggaggc tgttgcgtgc tcctacagaa 60  
tcccgttctg aagggaagag catgtttgag ggcgtcccca ccatgcgtga gagtcccccc 120

```

aaacagtaca tgcagctcgg aggcagggtc ttgctgggtc tgatgttcat gaccctcctt 180
cacttttgacg ccagcttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgatgatt 240
ttagtggtcca ttggttttaa aaccaagctg gctgctttga ctcttggtgt gtggctcttt 300
gccatcaacg tatatttcaa cgccttctgg accattccag tctacaagcc catgcatgac 360
5   ttcctgaaat acgacttctt ccagaccatg tccgtgattg ggggcttgct cctgggtggg 420
gccctggggc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaga aggagtggta acagtacacg 480
atccctacct gcctggctaa gacccgtggc cgtcaaggac tgggtcgggg tggattcaac 540
aaaactgcca gcttttatgt atcctcttcc cttccctccc cttggtaaag gcacagatgt 600
tttgagaact ttatttgtag agacacctga gaatcgatgg ctgagctcgc tctggagcca 660
10  cagtctggcg tctgacctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaagcc tccccacgc 720
cgaggctttg gagtgaacag cccgcttggc tgtggcatct cagtccattt tttgagttt 780
tttgtggggg tacaggaggg ggccttcaa cgtactgtg agcagacgca ttggtattat 840
cattcaaacg gttctccctc ttatttgtaa gtttacattt ttagcggaaa ctactaaatt 900
atthtgggtg gttcagccaa acctcaaaac agttaatctc cctgggttaa aatcacacca 960
15  gtggctttga tgttgtttct gcccgcatt gtattttata ggaatagtga aaacatttag 1020
ggacacccaa agaattgatg agtattaaag ggggtgtaga agctgctgtt tatgataaaa 1080
gtcatcggtc agaaaatcag cttggattgg tgccaagtgt tttattgggt aacaccctgg 1140
gagttttagt agcttgaggc aaggtggagg ggcaagaagt cctgggggaa gctgctgggt 1200
20  tgggtgctgc tggcctccaa gctggcagg ggaagggcta gtgagaccac acaggggtag 1260
ccccagcagc agcaccctgc aagccagcct ggccagctgc tcagaccagc ttgagagcc 1320
gcagccgtcg tgggcagggg gtgtggcagg agctcccagc actggagacc cacggactca 1380
acctgattac ctacatggg gcttttctg agcaaggctc cgaaagcgca ggccgacctg 1440
gctgagcagc accgcccctt cccagctgca ctgcccctgt ggacagcccc gacacaccac 1500
25  tttcctgagg ctgtcgctca ctgagattgt ccgtttgcta tgccgaatgc agccaaaatt 1560
cctttttaca atthtgtgat ccttaccgat ttgatcttaa tctgtattt aaagttttct 1620
aacactgcct tatactgtgt ttctctttt gggggagctt aactgcttgt tgcctcctgt 1680
cgtctgcacc atagtaaatg ccacaagggt agtcgaacac ctctctggcc cctagacct 1740
tctggggaca ggctggctca gctgtctcc agggctgctg cggcccagcc ccgagcctgc 1800
ctccctcttg gcctctcatc cattggctct gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgctc 1860
30  ataagtgtt ttggaagtca cctaccttt taacacagcc gaactagtcc caacgcgttt 1920
gcaaatattc cctggttagc ctacttctt accccgaat attggttaaga tcgagcaatg 1980
gcttcaggac atgggttctc ttctcctgtg atcattcaag tgctcactgc atgaagactg 2040
gcttgtctca gtgtttcaac ctccaccagg ctgtctcttg gtccacacct cgctccctgt 2100
tagtgccgta tgacagcccc catcaaatga ccttggccaa gtcacgggtt ctctgtgggtc 2160
35  aaggttggtt ggctgattgg tggaaagtag ggtggacca aaggaggcac gtgagcagtc 2220
agcaccagtt ctgcaccagc agcgctccg tctagtggg tgttctgtt tctcctggcc 2280
ctgggtgggc tagggcctga ttccgggaaga tgcctttgca gggaggggag gataagtggg 2340
atctaccaat tgattctggc aaaacaattt ctaagatttt tttgctttat gtgggaaaca 2400
gatctaaatc tcattttatg ctgtatttta tatcttagt gtgtttgaaa acgttttgat 2460
40  ttttgaaac acatcaaaat aaataatggc gtttgttga aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2520
aaaaaaaaa aaaaaa 2535

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 805 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
ggcagcagcg gcaacgagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtacaac 60
cacgatgggg aagcaggtcg gctggaggct tttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa120
cccaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac180
ttgcagggct tccagatcct gtgtgacctg cacgatggct tctctggggt aggcgcgaag240
gcggcagagc tgctacaaga tgaatattca gggcggggaa taataacctg gggcctgcta300
cctggtccct accatcgtgg ggaggcccag agaaacatct atcgtctatt aaacacagct360
tttggtctcg tgcacctgac tgctcacagc tctctgtct gcccctgtc cttgggtggg420
15 agcctgggccc tgcgaccgca gccacctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact480
ctgcccttcc actgcagtgc catcctggct acagccctgg acacagtcac tgttccttat540
cgctgtgtt cctctccagt ttccatgggt catctggctg acatgctgag cttctgtggg600
aaaaagggtg tgacagcagg agcaatcatc cctttcccct tggctccagg ccagtccctt660
cctgattccc tgatgcagtt tggaggagcc accccatgga cccactgtg tgcatgtggg720
20 gagccttctg gaacacgttg ctttgcccag tcagtgtgtc tgagggggta tagacagagc780
atgccacaca agccacagac ttaat 805
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
cggaagtagc cgcaggcatg gcggcgggcta tgccgctgtt gctctgctcg tctgtttgct 60
cctggggccc ggcggctggt gccttgacga acccccacgc gacagcctgc gggaggaaact 120
tgtcatcacc ccgctgcctt ccggggagct agccgccaca ttccagttcc gcacgcgctg 180
50 ggattcggag cttcagcggg aaggagtgtc ccattacagg ctctttccca aagccctggg 240
gcagctgac tccaagtatt ctctacggga gctgcacctg tcattcacac aaggtctttg 300
gaggaccgca tactgggggc cacccttccct gcaggcccca tcaggtgcag agctgtgggt 360
ctggttccaa gacactgtca ctgatgtgga taaatcttgg aaggagctca gtaatgtcct 420
ctcagggatc ttctgcgcct ctctcaactt catcgactcc accaacacag tcaactccac 480
55 tgcctccttc aaaccctgg gtctggccaa tgacactgac cactacttcc tgcgctatgc 540
```

```

tgtgtgtgccg cgggaggtgg totgcaccga aaacctcacc ccctggaaga agctcttgcc 600
ctgtagtctcc aaggcaggcc tctctgtgct gctgaaggca gatcgcttgt tccacaccag 660
ctaccactcc caggcagtgct atatccgccc tgtttgcaga aatgcacgct gtactagcat 720
ctcctgggag ctgaggcaga ccctgtcagt tgtatttgat gccttcatca cggggcaggg 780
5 aaagaaagac tgggccctct tccgcatgtt ctcccgaacc ctcacggagc cctgccccct 840
ggcttcagag agccgagtct atgtggacat caccacctac aaccaggaca acgagacatt 900
agaggtgcac ccacccccga cactacata tcaggacgtc atcctaggca ctcggaagac 960
ctatgccatc tatgacttgc ttgacaccgc catgatcaac aactctcgaa acctcaacat1020
ccagctcaag tggaagagac cccagagaa tgaggcccc ccagtgccct tcctgcatgc1080
10 ccagcggtag gtgagtggct atgggctgca gaagggggag ctgagcacac tgctgtacaa1140
caccaccca taccgggctt tcccggtgct gctgctggac accgtaccct ggtatctgcg1200
gctgttacat ccactaccag cctgcccagg accggtgca accccacctc ctggagatgc1260
tgattcagct gccggccaa                                     1279

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1923 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

gcgcaagaca caggaggccc aggcggcgag tcaggacatg gcggcgattt gcagattcca 60
40 atctctctgt ttctgcggcg attgaacacc caacattggc gaccgggagc gcggaagtg 120
atggctgtcg tcccggcgtc tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atatcttaca 180
attaaagaca gaataccaca gatcttaact aagggttattg atacattgca tcgacataaa 240
agtgaatttt ttgagaaaca cggagaggaa ggcgtggaag ctgaaaagaa agctatctct 300
ctcctttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaac catttatccc ctgggttgag 360
45 aaatttgttg atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaaat 420
gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtggt tgttggtaga atgttacatg 480
tatcgaagaa ttcatgaagc aattatccag agtccaccaa tcgattactt tgatgtattt 540
aaagaatcaa aagagcaaaa tttctatggg tcacaggaat ccattcattgc ttatgtact 600
cacctgcaac aattgataag aactattgaa gacctagatg aaaaatcagct gaaagatgag 660
50 ttttttaaac ttctgcagat ttactgtgg ggaataaagt gtgatctgtc tctctcagg 720
ggagaaagta gttctcagaa taccaatgta ctaaatcoat tggaagacct aaaacctttc 780
atatttattga atgatatgga acatctttgg tcattgctta gcaattgcaa gaaaacaaga 840
gaaaaagctt ctgctactag agtgtatatt gttctcgata attctggatt tgagcttggt 900
acagatttaa tattagccga cttctgtgtg tcctctgaac tggctactga gggtcatttt 960
55 tatggaaaaa caattccatg gtttgtttc gatactacta tacatgattt taattgggtta1020
attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactgggaa1080
gagtatatta aaatgggtaa atgggtttac cacaatcata tattttgagc tctgcctcat1140

```



5 gagtactgtg caatgcctca ggttgacact gacttatatg ctgaactaca gaaggcacat1200  
 ttaattttat tcaaggtga tttgaattac aggaagtga caggtgacag aaaatgggag1260  
 ttttctgttc catttcatca ggctctgaat ggcttccatc ctgcaccact ctgtaccata1320  
 agaacattaa aagctgaaat tcaggttggt ctgcagcctg ggcaagggga acagctcctg1380  
 10 gcctctgagc ccagctgggtg gaccactgga aaatatggaa tatttcagta cgatgggtccc1440  
 ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctggtgagca ccttttcac1500  
 ccagaaaaag gagcacgtga attgagtcgc ctggcggctc tgtacgcgct cagggaagct1560  
 tagcttcttg gtgcccactc acgtgactg gatgattttt cttttgaaca ttttgccca1620  
 ctacactgtt tttggggata gctgggttaa gcaagttaa gatatttaca tttatattgg1680  
 15 agattttaag caactttttt ttcagggtaa atatataatt tcaaagtgtc tttaaatgga1740  
 ccttaatttt gaagtgggta gggccaaaaa ataaaggag ggctcctttg aggtaggtac1800  
 ccttgccctt tctaaaaag ccctcaatg ggatttagat ccgggggggt ggggtattt1860  
 tccttggttt ggccatgaaa atccttgga cggcttatg cccttttgaa aaggggggt1920  
 ttt 1923

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 706 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear  
 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA  
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  
 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

40 cattttacga caggcgggat tgttttggtg ctgtcagctt tctccgtggt ctgagtttgt 60  
 ggctgcattt ttatctctgg tggctctgct acggcggcgc agaaatgagg cagaagcggal20  
 aaggagatct cagccctgct gagctgatga tgctgactat aggagatgtt attaaacaac180  
 45 tgattgaagc ccacgagcag gggaaagaca tcgatctaaa taaggtgaaa accaagacag240  
 ctgccaaata tggcctttct gccagcccc gcctgggtga tatcattgct gccgtccctc300  
 ctcagtatcg caaggtcctg atgcccaggt taaaggcgaa acccatcaga actgctagt360  
 ggattgctgt cgtggctgtg atgtgcaaac ccacagatg tccacacatc agttttacag420  
 gaaatatatg tgtatactgc cctgggtggac ctgattctga ttttgagtat tccaccagt480  
 cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggaccctttt540  
 50 ccttacagga caaggacacc ggattagaa cagtttaaaa caagttgggt tcgtagtgtg600  
 gggtttaagt ggagtttgtt tgtggatgg gtgggaactt tttggggccg ttccagagga660  
 ttacagagtt atttttattt cggaagttaa cgtgatgggt tttccg 706

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

55

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 749 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gacctatcct catctgtgca aggaggagt gccaaactct gagcccaggc tgttgcttcc 60  
 tggctctggt gtgaatcctc catagtcttg tgagtgtagt gcccaactct ggagcccagg120  
 atgttgcttc ccggtctggt ggtgaatcct ccatagtctg gagatctcag ccctgctgag180  
 25 ctgatgatgc tgactatagg agatgttatt aaacaactga ttgaagccca cgagcagggg240  
 aaagacatcg atctaaataa ggtgaaaacc aagacagctg ccaaataatgg cctttctgcc300  
 cagccccgcc tgggtggatat cattgcttgc cgtccctcct cagtatcgca aggtcttgat360  
 gcccaagtta aaggcgaac ccatcagaac tgctagtggg attgctgtcg tggctgtgat420  
 gtgcaaacc caccagatgc cacacatcag ttttacagga aatatatgtg tatactgccc480  
 30 tgggtgggac ctgattctga ttttgagtat tccaccagc cttacactgg gctatgagcc540  
 aacctccatg aggagctatt ccgtgccaga tatggacct tttccttaca ggacaaggac600  
 accggattag gaacagtta aaacaagttg ggttcgtagt gtgggggtta gtgggagttt660  
 gtttgtggat ggggtgggaa ctttttgggg ccgttcacaga ggattacaga gttattttta720  
 tttcggaagt ttacgtgatg ggttttccg 749

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 857 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```

accttaccaa ggggagaaaa aaaccctcca ctttggctca ctgtgggttt ggcactaaga 60
ggcacgatat ctgaaggagg tcattccagt tttaaaagta cggacagtgc tgttggaact120
gaccacaaaa atgtattgtt aaaaaaaaaat tgaaaaccag cagtgtattg ggtccccctg180
10 aaacctctgt gaatcggagg tgggccagg aggtgtcagg acgcagcaga aatagtccca240
gaaaggagag acgggtcatg cagcgggctt gtgctttttt gtgtgtgttt gtgtgtttta300
caccatacat ctccaaatga agtatttatt aacaattgta gtgtaagcct gtgataaaat360
agcacaaaagg ttctttaaag aagttcactt ttaaggcatc agaaaagtta atgtggcaaa420
cattttaatt aaaacatcag aagtaaattt tattttaaac tttaggcctc tgaatttttc480
15 cagtaaacac agttcagcta tgtggcaaag tcaatgggtg gcatctaaaa tgacttttta540
cattctacaa aaaaataaaa taaaataagg acacagcccc aaacgggtgc acctcttcgc600
ggccgctcca catgcacaga atctactagg atttgtcacg gccgggtggc acccgatttg660
ttttgactat acaacaaact tttttttcaa aagtatttgt tcaggataac tttaaaaata720
atataaaaat aaacaatgga tttagacttt ccctcaaaat tgaaaagaaa ggggtggggg780
20 gaggtgttaa ccattggcct tttttttttt ggaggggccc cattgggatt gtaaggccct840
ggggttccgg cctttcc                                     857

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 268 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

ccgcgccccg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggt aagagctgcc 60
ttcatcccat acagagaata caatggtgct agactaagta gagattttat ttcagcttaa120
agattctgtt tgatgtctga aattacatgt ttaggcggca tggggaacag gactgttctt180
50 tagcatcagt ttcacaatta ctttaatcta ctaggtttca ttcaccttat aattctgaaa240
tttcatcagc agtggggaac agaaaagg                                     268

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 297 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

25 ctgatgtgca ctctagggtta gtaaccattt ttgtgaaaaa tttagagaaa ttctttgagc 60  
agcttccact gaaacactaa aacccaatag ggccaaaggc ccataacctg aggaaacctt120  
atttattgct taatccaaca taggctatga aagttttgag ttctctcttg tgtattagaal80  
tttcattcct atttggttga gagagtatag tacggggaat cagtaaatta aatgaagtaa240  
actaaagatt acacctttgc tgctggcact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 590 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

acgggtcaaaa tgataactca tgtatTTTTat tccaacaaca tttggTTTTat aaaggaatac 60
aaacaggcac aaaacatggt tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag120
atacacttag cagtcaaaca gttgaatatt cattgctacc tcattaaaagt ttttgtatct180
5 gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaatgt tcagagagct240
gtatgttctt tgttctggta tgtacatttt aaaaaaacac ctctttccag tcttgctaac300
caagaatatt agtcatataa aagaacttag aatttttttc cccaagtaca agctatcttt360
tgctccaaaa cagttctgaa ggttttattt atattttatc ttatcccag ggaccaacag420
caggcatacc tttgccaggc cttcttgtag aaagacacag agccgtaaag gcaaaaaataa480
10 aattgcaata aagtatatgg tattgggggc agggagaacc agaaaccctc aagggggacca540
atTTTTtagca cgttcttttt ttagggttta ccctgtggag taagaactag 590

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggctgc ctgcgtggtc cgaattcggg ggcgccacgt 60
ccgcccgtct ccgccttctg catcgcggtt tcggcggtt ccacctagac acctaacagt 120
40 cgcgagccg gccgcgtcgt gagggggtcg gcacggggag tcgggcggtc ttgtgcatct 180
tggtacctg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atcccggcga 240
tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcggcaaa ctcggcctca 300
tcagcccggc ctacctcttc ctctggcccg aagccttctt ttatcgcttt cagatttgga 360
ggccaatcac tgccaacctt tatttccctg tgggtocagg aactggattt ctttatttgg 420
45 tcaatttata tttcttatat cagtattcta cgcgacttga aacaggagct tttgatggga 480
ggccagcaga ctatttatc atgctcctct ttaactggat ttgcatcgtg attactggct 540
tagcaatgga tatgcagttg ctgatgatc ctctgatcat gtcagtactt tatgtctggg 600
cccagctgaa cagagacatg attgtatcat tttggtttgg aacacgattt aaggcctgct 660
atttaccctg ggttatcctt ggattcaact atatcatcgg aggctcggta atcaatgagc 720
50 ttattggaaa tctggttggg catctttatt ttttcctaag gttcagatac ccaatggact 780
tgaggaggag aaattttcta tccacacctc agtttttgta ccgctggctg cccagtagga 840
gaggaggagt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900
atggcggagg cgggagacac aactggggcc agggctttcg acttgagac cagtgaaggg 960
gcggcctcgg gcagccgctc ctctcaagcc acatttctc ccagtgtctg gtgcgcttaa1020
55 caactgcgtt ctggctaaca ctgttgagcc tgaccacac tgaatgtagt ctttcagtac1080
gagacaaagt ttcttaaata ccgaagaaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct1140

```

```

cattcaagtc cttactgctg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaattgc aaaactgact1200
acattttttg gtgtcttctc ttctccctt tccgtctgaa taatgggttt tagcgggtcc1260
tagtctgctg gcattgagct ggggtctgggt caccaaaccc ttcccaaaag gacccttatc1320
tctttcttgc acacatgcct ctctccctt ttcccaacc cccacatttg caactagaag1380
5 aggttgccca taaaattgct ctgcccttga caggttctgt tatttattga cttttgccaal440
ggcttggtca caacaatcat attcacgtaa ttctccctt ttgggtggcag aactgtagca1500
atagggggag aagacaagca gcggatgaag cgttttctca gcttttggaa ttgcttcgac1560
ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccacttc ttcagatatt ttataaaaa agtaccactg1620
agtcagttag ggccacagat tggattaat gagatacag ggttgttgct ggggtgttgt1680
10 tccgagtaag tgagaaggtg agtggattga ctac 1714

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

ctcgagccgc tcgagccgaa tcggctcgag ctgaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60
agtggggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggtcctgga gtcccacctg 120
gcggagaagg ggagaggcat ggagctatcc gacctgattg ttttcaatgg gaaactctac 180
40 tccgtggatg accggacggg ggtcgtctac cagatcgaag gcagcaaagc cgtgccctgg 240
gtgattctgt ccgacggcga cggcaccgtg gagaaaggct tcaaggccga atggctggca 300
gtgaaggacg agcgtctgta cgtgggcggc ctgggcaagg agtggacgac cactacgggt 360
gatgtggtga acgagaaccc ggagtgggtg aagggtggtg gctacaaggg cagcgtggac 420
cagagaaact ggggtgtccaa ctacaacgcc ctgcgggctg ctgccggcat ccagccgcca 480
45 ggtaacctca tccatgagtc tgccctgctg agtgacacgc tgcagcgtg gttcttcctg 540
ccgcgcgcgc ccagccagga gcgctacagc gaggaaggac gacgagcgca agggcgccaa 600
cctgctgctg agcgccctcc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacg tcggggcggt 660
ggccccact cagggcttct cgtccttcaa gttcatcccc aacaccgacg accagatcat 720
tgtggccctc aaatccgagg aggacagcgg cagagtcgcc tcctacatca tggccttcac 780
50 gctggacggg cgcttcctgt tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggcat 840
cgagttcatt taactcaaaa cggaacact gagcaaggcc atcaggactc agcttttata 900
aaaacaagag gagtgcaact ttgttttgtt ttgttctttt tggaaactgtg cctgggttgg 960
aggtctggac agggagccca gtcccgggcc ccatagtgtg gcgggcactg gacccccggg1020
ccccacggag gcccggttct gaactgcttt ccatgctgcc atctggtggt gatttcggtc1080
55 acttcaggca ttgactcaag gcctgcctaa ctggctgggt cgtttcttcc atccgacctc1140
gtttcttttc ttctctatgt tcttttgttc agtgaatata cctagagctc ctaccatatg1200
tcaggcccta tgccctaccc tgagaacgca gtaagcatga aggtggacct ggtttgctgg1260

```

gaacccgagg gctaaccccc tttttcttcc caaatttggt gccttggaag aatcagggtcc1320  
agccctgaag atccttgggg 1340

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 765 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

caggattgaa acaagatggc gggttcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaattggta 60  
 tgcttagaag cagattctaa aagcagtttc tcttcagaac atcttttttc ataccacttg120  
 30 ataagcatct tgaaacacca tggctgtagc tgcagtaaaa tgggtgatgt caaagagaac180  
 tatcttgaaa catttatttc cagtccaaaa tggagcttta tattgtgttt gtcataaatc240  
 tacgtattct cctctaccag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga300  
 tggcaggaca atagtatgct accacccttc tgtggacatt ccatatgaac acacaaaacc360  
 tatccctcgg ccagatcctg tgcataataa tgaagaaaca catgatcaag tgctgaaaac420  
 35 cagattggaa gaaaaagtig aacaccttga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa480  
 aatgttcttt actactaagc accgttggtg tcctcatgga cggtatcaca gatgtcgtaa540  
 gaatctgaat cctccaaaag acagatgatg cggaggttcc tgggggaatc aaagagaaat600  
 gtgcctcatt tgccatttga gaaaatgcag tctggtgtat tcagtaatat atagtaaagt660  
 aataatgata aaatatcttt tcatatatta gaatgtgtac ttttatataa agtaattctg720  
 40 gatttgacat tctcathtag ggggacctat tccttttttc gtttt 765

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1647 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```
gcagccggag taagatggcg gcgctgaggg ctttgtgcgg cttccggggc gtcgcgggcc 60
aggtgctgcg gcctggggct ggagtcgcat tgccgattca gcccagcaga ggtgttcggc 120
15 agtggcagcc agatgtggaa tgggcacagc agtttggggg agctgttatg tacccaagca 180
aagaaacagc ccactggaag cctccacctt ggaatgatgt ggaccctcca aaggacacaa 240
ttgtgaagaa cattaccctg aactttgggc cccaacaccc agcagcgcat ggtgtcctgc 300
gactagtgat ggaattgagt ggggagatgg tgcggaagtg tgatcctcac atcgggctcc 360
tgccaccgagg cactgagaag ctcattgaat acaagaccta tcttcaggcc cttccatact 420
20 ttgaccggct agactatgtg tccatgatgt gtaacgaaca ggcctattct ctagtgtgg 480
agaagtgtct aaacatccgg cctcctcctc gggcacagtg gatccgagtg ctgtttggag 540
aaatcacacg tttgttgaac cacatcatgg ctgtgaccac acatgccctg gaccttgggg 600
ccatgacccc tttcttctg gctgtttgaag aaaggagaaa gatgtttgag ttctacgagc 660
gagtgtctgg agccogaatg catgctgctt atatccggcc aggaggagtg caccaggacc 720
25 taccoccttg gcttatggat gacatttatc agttttctaa gaacttctct cttcggttg 780
atgagttgga ggagttgctg accaacaata ggatctggcg aaatcggaca attgacattg 840
gggttgtaac agcagaagaa gcacttaact atggttttag tggagtgatg cttcggggct 900
caggcatcca gtgggacctg cgggaagacc agccctatga tgtttacgac caggttgagt 960
ttgatgttcc tttgtgttct cgaggggact gctatgatag gtacctgtgc cgggtggagg 1020
30 agatgcgcca gtccctgaga attatcgcac agtgtctaaa caagatgcct cctggggaga 1080
tcaaggttga tgatgccaaa gtgtctccac ctaagcgagc agagatgaag acttccatgg 1140
agtcaactgat tcatcacttt aagttgtata ctgagggcta ccaagttcct ccaggagcca 1200
catatactgc cattgaggct cccaagggag agtttggggg gtacctggtg tctgatggca 1260
gcagccgccc ttatcgatgc aagatcaagg ctctctggtt tgcccatctg gctggtttgg 1320
35 acaagatgtc taagggacac atgtttggcag atgtcgttgc catcataggt acccaagata 1380
ttgtattttg agaagtagat cggtgagcag gggagcagcg tttgatcccc cctgcctatc 1440
agcttcttct gtggagcctg ttccctcact gaaattggcc tctgtgtgtg tgtgtgtgtg 1500
tgtgtgtgtg tgtgtgtatg ttcatgtaca cttggctgtc aggccttctg tgcattgtac 1560
aaaaaaggag aaattataat aaattagccg tcttgcgccc ctaggcctaa aaaaaaaaaa 1620
40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1647
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1166 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN



- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

10

```

cgccgcctgc gcggggggga gcccagcaca gaccgcgcgc gggaccccca gtcgcgcacc 60
ccagcccccac cgcccacccc gcgcgccatg gaccccaagg accgcaagaa gatccagttc 120
tcggtgcccc cgccccctag ccagctcgac ccccgccagg tggagatgat ccggcgcagg 180
agaccaacgc ctgccatgct gttccggctc tcagagcact cctcaccaga ggaggaagcc 240
15 tccccccacc agagagcctc aggagagggg caccatctca agtcgaagag acccaacccc 300
tgtgcctaca caccaccttc gctgaaagct gtgcagcgca ttgctgagtc tcacctgcag 360
tctatcagca atttgaatga gaaccaggcc tcagaggagg aggatgagct gggggagctt 420
cgggagctgg gttatccaag agagggaag agggagatgc agccaggctg 480
aagtcctgaa ggtcatcagg cagtctgctg ggcaaaagac aacctgtggc cagggtctgg 540
20 aagggccctg ggagcgccca cccctctgg atgagtcga gagagatgga ggctctgagg 600
accaagtgga agaccagca ctaagtgagc ctggggagga acctcagcgc ccttccccct 660
ctgagcctgg cacataggca cccagcctgc atctcccagg aggaagtgga ggggacatcg 720
ctgttcccca gaaacccact ctatcctcac cctgttttgt gctcttcccc tcgcctgcta 780
gggctgcggc ttctgacttc tagaagacta aggctggtct gtgtttgctt gtttgccac 840
25 ctttggtgta taccagaga acctggggcac ttgctgcctg atgcccaccc ctgccagtca 900
ttctccatt caccagcgg gaggtgggat gtgagacagc ccacattgga aaatccagaa 960
aacggggaac agggatttgc ccttcacaat tctactcccc agatcctctc ccctggacac1020
aggagaccca cagggcagga ccctaagatc tggggaaagg aggtcctgag aaccttgagg1080
tacccttaga tccttttcta cccactttcc tatggaggat tccaagtcaa catttgtctg1140
30 aacggcttgt aacagggttc aggttg 1166

```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 487 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

ctcagatcgg tggacgtgct cgcctccact cggggccagg tctatgtccc ggtttcccgc 60
agtcgcgggc agggcgccaa ggcggcagga ggagggtgag cgggtcaagag acctccaggga120
agagcgggctc tcggctgttt gcatcgccga tagagaagag aaaggatgca cgtcccaggga180
5 gggaggaaact actccaactt ttcctattca gaaacaaaga aaaaagatta ttcaagctgt240
gagggaacaat tcattccctta ttgttactgg aaatacagga agtggtaaaa caactcaact300
cccaaaatat ctatatgaag cagggttttc acaacatggt atgattgggtg taactcaacc360
acgaaaagta gctgctatat cagttgctca gagagtagct gaagaaatga aatgcacttt420
gggatccaaa gtaggatacc aagttcgttt tgatgattgc agttctaagg agacagcaat480
10 caaatat 487

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59
- ```

35 aaactgtgta atgccccatg taatccataa aattttaact tttcccccta acgtttttgc 60
tgaaaaatgt tgggaaaccc tcaacacgcc ttcctgaaaa caattaaaaat acttgaaacc 120
tgtgaacctt tcaaaaaaac ctcaggttgg gaaaagaccc ccaaaccttc ttttaaggat 180
catttgtctc gccatcaca ggatcttggg aatgtttccc tagggtgtgt aaaaattaac 240
40 ccagggggga atgaagcaca tttttctggc aaccaaactt gagttcctca gagaacagat 300
gcagagagac ctgctcctgc ttgcccggct acaggggcca ctgtggagtc aactgaggc 360
tgtgaccggc cataagccca ggagagcccg tggcagctgt gccgaggcgc caggacctct 420
aagcggaagc ttcccaagct aggaatggag caacactgca atgaaatgtg tccaccaagc 480
tcattgtttc tcccgggtgc ttataaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaataca 540
45 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctacacaggca taagacacaa 600
attatatatt gttatgaagc actttttacc aacggtcagt ttttacattt tatagctgcg 660
tgcgaaaggc ttccagatgg gagaccatc tctcttgtag tccagacttc atcacaggct 720
gctttttatc aaaaagggga aaactcatgc ctttcctttt taaaaaatgc ttttttgtat 780
ttgtccatac gtcactatac atctgagctt tataagcgcc cgggaggaaac aatgagcttg 840
50 gtggacacat ttcatgtcag tgttgctcca ttcctagctt gggaagcttc cgcttagagg 900
tcctggcgcc tcggcacagc tgccacgggc tctcctgggc ttatggccgg tcacagcctc 960
agtgtgactc cacagtggcc cctgtagccg ggcaagcagg agcaggtctc tctgcatctg1020
ttctctgagg aactcaagtt tggttgccag aaaaatgtgc ttcatcctcc cctgggtta1080
ttttacacac cctaggaaac atttccaaga tctgtgatg gcgagacaaa tgatcctta1140
55 agaaggtgtg ggttctttcc caacctgagg atttctgaaa gggtcacagg ttcaatattt1200
aatgcttcag aagcatgtga ggttcccaac actgtcagca aaaaccttag gagaaaaactt1260

```

aaaaatatat gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaagggg1320  
 aaaccttcaa agcatgtttc tttccctcac cacaacagaa catgcagtac taaagcaata1380  
 tatttgtgat tccccatgta attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct1440  
 aagatgacca tgcgcccttt cctctgtaca tataccctta agaacgcccc ctccacacac1500  
 5 tgccccccag tatatgccgc attgtactgc tgtgttatat gctatgtaca tgtcagaaac1560  
 cattagcatt gcatgcagggt ttcataattct ttctaagatg gaaagtaata aaatatattt1620  
 gaaatgtacc 1630

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1272 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

tgcgcgcgag cccgtgtccc caccggcgggc agcagcggcg gcggcggcgg ctgaacgcgg 60  
 agggggcgga gggagcccg gcggcggcga gcagctacag cgaaatggcg gagaccgtgg 120  
 35 ctgacacccg gcggctgac accaagccgc agaacctgaa tgacgcctac ggacccccca 180  
 gcaacttcct cgagatcgat gtgagcaacc cgcaaacggg gggggtcggc cggggccgct 240  
 tcaccactta cgaaatcagg gtcaagacaa atcttcctat tttcaagctg aaagaatcta 300  
 ctgttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcgaag tgaattagaa agagagagca 360  
 aggtcgtagt tccccgcctc cctgggaaag cgtttttgcg tcagttcctt ttagaggaga 420  
 40 tgatggaata tttgatgaca attttattga ggaaagaaaa caagggtgag agcagtttat 480  
 aaacaaggtc gctggctatc ctctggcaca gaacgaacgt tgtcttcaca tgtttttaca 540  
 agatgaaata atagataaaa gctatactcc atctaaaata agacatgcct gaaatttggc 600  
 aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaact 660  
 ttttagcatgc tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tatactaaca ctcatatgct 720  
 45 cagttttgtt ttgttttggc agttgacaag aagttaattt gcttttagtaa aaatccctca 780  
 ttccagcctt tctatataaa tagctctttc ttgctgtttt aatgtggtgc acactatagc 840  
 ctcaaaaacc tgttattcca gtgtaatctg cagtgtcgta actaaagtta ctggcttggg 900  
 cttatttgca cagtttttgc gtcttgtttg cttcttgcac ctgattaact agaataattc 960  
 tctttccccc ttttaatttg tgatgtcact tgacccatt tatgttagg agcactacac1020  
 50 cattggtttc caatactgca cacataagat acatacttgt gtgcagaaaag tatcttcctc1080  
 caggcttgta atacccttca catggaagat taatgaggga aatctttata ttctgtataa1140  
 aaacaaaagc aaatttatat actaaaatca tttgtctaaa aatttaagtt gttttcaaat1200  
 aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaga aaaaaagagg1260  
 ggcggccgct ct 1272

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```
25  tgcagcgcgt  gcggtctgcg  ctactgagca  gcgccatgga  ggactctgaa  gcactgggct  60
    tcgaacacat  gggcctcgat  ccccggtccc  ttcaggctgt  caccgatctg  ggctggctgc  120
    gacctacgct  gatccaggag  aaggccatcc  cactggccct  agaagggaa  gacctcctgg  180
    ctcgggccc  caggggtccc  gggaagacgg  ccgcttatgc  tattccgatg  ctgcagctgt  240
    tgctccatag  gaagcgacga  ggtccggtgg  tagaacaggc  agtgagaggc  cttgttcttg  300
30  ttcctacca  ggagctggca  cggcaagcac  agtccatgat  tcagcagctg  gctacctact  360
    gtgctcggga  tgtccgagtg  gccaatgtct  cagctgctga  agactcagtc  tctcagagag  420
    ctgtgctgat  ggagaagcca  gatgtggtag  tagggacccc  atctcgcata  ttaagccact  480
    tgcagcaaga  cagcctgaaa  cttcgtgact  ccctggagct  tttggtggtg  gacgaagctg  540
    acctctttt  ttcctttggc  tttgaagaag  agctcaagag  tctcctctgg  gaaggcagag  600
35  tcacttgccc  cggattttacc  aggcctttct  catgtcagct  acttttaacg  aggacgtaca  660
    agcactcaag  gagctgatat  tacataaccc  ggttaccctt  aagttacagg  agtcccagct  720
    gcctgggcca  gaccagttac  agcagtttca  ggtggtctgt  gagactgagg  aagacaaatt  780
    cctcctgctg  tatgccctgc  tcaagctgtc  attgattcgg  ggcaagtctc  tgctctttgt  840
    caacactcta  gaacggagtt  accggctacg  cctgttcttg  gaacagttca  gcatccccac  900
40  ctgtgtgctc  aatggagagc  ttccactgcg  ctccagggtg  cacatcatct  cacagttcaa  960
    ccaaggcttc  tacgactgtg  tcatagcaac  tgatgtgaa  gtccctgggg  cccagtcgal  1020
    gggcaagcgt  cggggccgag  ggcccaaagg  ggacaaggcc  tctgatccgg  aagcaggtgt  1080
    ggcccggggc  atagacttcc  accatgtgtc  tgctgtgctc  aactttgatc  ttcccccaac  1140
    ccctgaggcc  tacatccatc  gagctggcag  gacagcacgc  gctaacaacc  caggcatagt  1200
45  cttaaccttt  gtgcttccca  cggagcagtt  ccacttaggc  aagattgagg  agcttctcag  1260
    tggagagaac  aggggcccca  ttctgctccc  ctaccagttc  cggatggagg  agatcgagggt  1320
    cttccgctat  cgtgcaggg  atgccatgcg  ctccagtgact  aagcaggcca  ttccggaggc  1380
    aagattgaag  gagatcaagg  aagagcttct  gcattctgag  aagcttaaga  catactttga  1440
    agacaacct  agggacctcc  agctgctgcg  gcatgaacct  cctttgcacc  ccgcagtggt  1500
50  gaagccccc  cttggccatg  ttctgacta  cctgggtcct  cctgctctcc  gtggcctggt  1560
    acgccctcac  aagaagcgga  agaagctgtc  ttctcttgt  aggaaggcca  agagagcaal  1620
    gtcccagaac  ccactgcgca  gcttcaagca  caaaggaaag  aaattcagac  ccacagccaa  1680
    gccctcctga  ggttgttggg  cctctctgga  gctgagcaca  ttgtggagca  caggcttaca  1740
    ccttctgtgg  acaggcgagg  ctctggtgct  tactgcacag  cctgaacaga  cagttctggg  1800
55  gccggcagtg  ctgggccctt  tagctccttg  gcacttccaa  gctggcatct  tgccccttga  1860
    caacagaata  aaaattttag  ctgccccaaa  aaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  aaaa  1914
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 608 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

25 aatggaacca ggaattctta attagcccg aagttcccaa gtctccttag cggaaccgg 60  
aaattgcccc aggaaagcaa agaggagat gaccagtgat acctccagtg ccagaggta120  
ctttgtggag ccaaatgctg gacatgggca gtcgagactc ggcatcttct gtccccgc180  
ttaatgactc tcaggaagga ggatgtaatt caaggcaagt ttctaattcc gaagctgcct240  
30 gttcatgtta acaggacttc tttttattcg tcaagatgta ctggttccct ggcaccttaa300  
gggaaatcct gataaaggca aacctgttga gccatttggc cccataggat cccaggaccc360  
aagtcctgtg tttcatcggt actaccatgt gttccgtgag ggagaactgg aagtgctctg420  
caggactgtg agtgatgtca gaattctgca aagctactac gatcaaggaa actggtgtgt480  
gattcttcaa aaggcctgat tatttacctg aacacatcat atataaagaa gaaatgctca540  
35 cttaaaaaaa aaagagggga taaattaatt acccgtttaa ttaaagagaa aacttggtggg600  
gaagtacc 608

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2674 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

10 tgaagagaag ttaaggtgaa gagccgaaga gacctgatgcg tgatgagcgt ctaagaaagg 60
   agaagcaaga gcagagaaga gagagagaaa gaacgggaga gagaaaggga agaaagagaa 120
   aggaaaagac gaagggaaga ggaagaaaaga gaaaaagaaa gggctcgtga cagagaaaga 180
   agaaagagaa gtcgttcacg aagtagacac tcaagccgaa catcagacag aagatgcagc 240
   aggtctcggg accacaaaag gtcacgaagt agagaaagaa ggaggagcag aagtagagat 300
15 cgacgaagaa gcagaagcca tgatcgatca gaaagaaaac acagatctcg aagtcgggat 360
   cgaagaagat caaaaagccg ggatcgaaag tcatataagc acaggagcaa aagtcgggac 420
   agagaacaag atagaaaatc caaggagaaa gaaaagaggg gatctgatga taaaaaagt 480
   agtgtggaagt ccggtagtcg agaaaagcag agtgaagaca caaacactga atcgaaggaa 540
   agtgatacta agaattgagg caatgggacc agtgaagaca ttaaatctga aggtgacact 600
20 cagtccaatt aaaactgatc tgataagacc tcagatcaga cagaggtaag tgtattgttt 660
   ctcaactttga ttagggcttt ttgttactgt ttgacagtgc agcgtaaagta tgcacagatg 720
   aagatggaac taagccgagt aagaagacat acaaaagcct cttctgaagg aaaagacagt 780
   gtagtctctgc aaaacatttt gaggtacatt gttttgtctc agctattttg tagcagactc 840
   gtgcccccat tagtgtgcct ctttggaat tatcgccac atttgtaata tagtcgccat 900
25 tgaagagttt attatccttt ttttagggat ttgatgtca tttctttttt ttttttaata 960
   aaaaggttga actgtttttt ttttctttt ttgtattaa tccatcttgt gttggtacat1020
   tggcagagac atatgcttta aaaacttaaa tatttcggag gcacatgttg gactactttg1080
   ttttaattaa actgctagta tttctttgtc aaggatgttt ctagtttttt gctttattgc1140
   cttgcattct aatgcagttt gttctgtaac tcgagagcca gtagcattgg attgatggaal200
30 gtgtagggtt taatgaattat tgcagctgac taccatacct cacacagcgt tggtgtgtg1260
   agcggcccat gaaaagccaa attaaaaatc aaggattcag tcaaaactaag caggtactca1320
   tgccaggtag tctttctctc acccacatcc atgtttgaat gctattgcct gtgatcttca1380
   cgcttaactg ttgtgtatct tttttgttct ttacaagaag tgcagagggg tttttgtgt1440
   attgcgtgaa aacttataaa acaaatgtta acagaatgga atttttttt aactgtatgt1500
35 agggctgcag tgggtggccag aattagatat ctttaaaaga ttttaaatat aataaacact1560
   tcatattatt cgccttgtaa cactcaatgc aattctcaag tctataagag gtatgtgctt1620
   aatatttctc actgtgtagg agaatttgca gtcagccata ggtatgtagg aatagtcact1680
   cactggctga tacattttaa gcagcagtgat gaatagcaag gacagacacc ttcaatttgt1740
   gaaatcaaaag aactgatgca ctatatagaa cgaatttggtg tttttaaaga aatattaaaa1800
40 gttaggtact gtaagtgttc ttaaaacctg taaacttcat tctgtgggct agtgggtgtg1860
   gacaaaatat tctaatagaa aggaagtacc aattagttga tttgttggtg gcattcccct1920
   tttgggaaag caatgtaagg ttatgtctgt gtatgtcatt cacacttagg caagcataca1980
   caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa ttaaaaagaa tacaagcatt2040
   ccatgtacac atgtttaatta gcagtttagtg actgggcaa cactttctca taaaaattgg2100
45 ccttttacat gttgtctaata tatcattttt ccccaaattt tgcgtgttag gactactgtt2160
   cgaagatttt tggagaataa ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat ttaaaaaatg2220
   aggtgaaaga aagctatagt ggcatagaaa aagtataaag ctgagttagt ttttttatta2280
   ttatttattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgaccta ccagatttca gaacatgtgt2340
   taatagtata tatgccactg aaaacttagg tctgtatca tacttttttc ttttaagactt2400
50 ttttaagaaat attacttaaa catgtggctt gctcagtggt taattgcaag ttttcaatct2460
   tggactttga aaacaggatt aaacgttagt attcgtgtga atcagactaa gtgggatttc2520
   attttttacaa ctctgctcta cttagccttt ggatttagaa gtaaaaaataa agtatctctg2580
   actttctgtt acaaagttga ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatctttttc2640
   taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa 2674
55

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 326 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

gacaaatgag ggtttggcat gcagctcgtc atcttaagag ttactatctt cttgccctgg 60  
tgtttcgccg ttccagtgcc ccctgctgca gaccataaag gatgggactt tgttgagggc120  
tatttccatc aatttttctt gaccgagaag gagtgcgccac tccttaccca ggagacacaa180  
25 acacagctcc tgcaacaatt ccatcggaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat240  
gcttctgcta cagcagcccc actgtggggg gcctgatggg tccgacaact gcattctgcc300  
aggaagatgc aagtggatta agcaca 326

30

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 888 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

ctcgtgcggt gatgttgagc agaagataca attcaaaaaga gaaacagcca gtttgaaact 60
gttaccaccac cagccccgaa ttgtggagat gaagaaagga agcaatggct atggtttcta120
tctgaggggca ggctcagaac agaaagggtca aatcatcaag gacatagatt ctggaagtcc180
5 agcagaggag gctggcttga agaacaatga tctggtagtt gctgtcaacg gcgagtctgt240
ggaaaccctg gatcatgaca gtgtggtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
actgttggtg gtagacaaa agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
tctctactat caaagtcaag aactgcccc tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
tcccacttct ctggaagtct caagtccacc agatactaca gaggaagtag atcataagcc480
10 taaactctgc aggctggcta aagggtgaaaa tggctatggc ttctacttaa atgcgattcg540
gggtctgccca ggctcattca tcaaagggt acagaagggc ggtcctgctg acttggctgg600
gctagaggat gaggatgtca tcattgaagt gaatggggtg aatgtgctag atgaacccta660
tgagaagggtg gtggatagaa tccagagcag tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
aaagaaggcc tatgattatt tccaagccta agaaaatccc tattgttccc tgcctggctg780
15 atgccagttg acagccctgc aggttctaaa gaaggaatag tgggtggagt aaacctgac840
tcgcacatgg caaaagaacg ggcggtctatt gcagacggct aatttatg 888

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attattttcca cttttggaca 60
cgacagtttag cgcataattta tcactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacga120
45 acatcaaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaatttctat gtttgaaaaa180
gggaaggtag ctaagattgt ca 202

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

20  ggccgggtgga ggccggcggt gcggcacgga aggggaagcg ctgaggcggt ggggcccaca 60
    gccatggcgg agctgttgca ggaggagctc tcggtcctgg ccgcgatttt ctgcaggccc 120
    cacgagtggg aggtgctgag ccgctcagag acagatggga ccgtgttcag aattcacaca 180
    aaagctgaag gatztatgga tgcgatata cctctggaat tgggtgtcca ttgcccagtc 240
    aattatcctt catgtctacc tggatctctg attaatctg aacagttagc cagggccag 300
    tgtgtgactg tgaaagagaa gttacttgag caagcagaga gcctttgtc ggagcctatg 360
    gttcatgagc tggttctctg gattcagcag aatctcaggc atatcctcag ccaaccagaa 420
    actggcagtg gcagtgaaaa gtgtactttt tcaacaagca cgaccatgga tgatggattg 480
    tggataactc ttttgcattt agatcacatg agagcaaaga ctaaatatgt caaaattgtg 540
    gagaagtggg ctccagattt aaggctgaca ggaagactga tgttcattgg taaaataata 600
    cttgatttta ctacaggag acagaaacaa cctcaagggt tacttgattc ttcagaaaac 660
    30  ctccaagta gatgtggact caagtggaaa gaaatgcaa gagaaaatga ttagtgtact 720
    gtttgaaaca aaagtacaga cagaacacaa aaggtttctg gcatttgaa tcaaagagta 780
    ttcagcgttg gatgaattac aaaaggaatt tgaaactgca ggacttaaga agcttttctc 840
    cgaatttgta cttgctctgg taaaatgaaa tggagacag gaatccttta gtaaaatagc 900
    agtggttttt gttgtttttg cattggattt ggggagtggg taattgaaat agtcaatttt 960
    35  aaagtttctc tgaagcaaaa tgataggcat cattctaact tcaggaacaa aagccagttc 1020
    tgttttatga aatattaaac atgaagaaaa cttgtatatt ctaatgtttg ccaggaaagg 1080
    ctaggttcag tagatgagac attattttaa agataaattt aaaaagatgg taaatgaaca 1140
    cttgttttta tagacaatat ttgtttgaaa ctatgtaatt ttctggctaa ttttcttgta 1200
    attaaatgat tttttaaaaa aagaa                                     1225
40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

10

```
gagggcgggc ctgtttccgg ggagggcggt ggggcttgag gccgagaacg gcccttgcctg 60
ccaccaacat ggagactttg taccgtgtcc cgttcttagt gctcgaatgt cccaacctga 120
agctgaagaa gccgccctgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctggtgg 180
tggtgtctta ctccctcatc accggaggaa taatttatga tgttattggt gaacctccaa 240
15 gtgtcggttc tatgactgat gaacatgggc atcagaggcc agtagctttc ttggcctaca 300
gagtaaatgg acaatatatt atggaaggac ttgcatccag ctccctatctt acaatgggag 360
gttttaggttt cataatcctg gaccgatcga atgcacaaaa tatcccaaaa ctcaatagat 420
tccttcttct gtccattgga ttogtctgtg tctattgag ttttttcattg gctagagtat 480
tcattgagaat gaaactgccg ggctatctga tgggttagag tgcctttgag aagaaatcag 540
20 tggatactgg atttgctcct gtcaatgaag ttttaaaggc tgtaccaatc ctctaataatg 600
aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctagtgaata aacagggaagc 660
gtattgaagc ttggactaga atttcttctt ggtattaaag agacaagttt atcacagaat 720
tttttttctt gctggcctat tgcataacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780
tttcattaaa atatattcca tatctacaac tataatatca aataaagtga ttatttttta 840
25 caaccctctt aacatttttt ggagatgaca tttctgattt tcagaaatta acataaaatc 900
cagaagcaag attccgtaag ctgagaatc tggacagttg atcagcttta cctatgggtgc 960
tttgccctta actagagtgt gtgatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt1020
cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaatac tttttctaata taaaaaaaaa1080
aaaaaaaaaa aaa 1093
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 309 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

cacaaagtga ttgtggtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaat 60  
 tctctagggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgaga120  
 aatcgactcc aggtctttcc tgaactggaa accaatgcag tgttgatggt agatgatgac180  
 acactcatca gcaccccaga ccttggtttt gctttctcag tttggcagca atttcctgat240  
 5 caaattgtag ggatttggtt cctagaaagc acgtctttta ctttcattca aggtatctac300  
 agttattgg 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 380 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

ctcatctgat cccttttatg gccaaatcat ccttcagagt agggaaact cagacattct 60  
 gtgcatgttg ttccccaaa gcatggatc cacaagtcc tgagttctgg tgtgtgctcc120  
 cgctcctgg gtatacagag agaaggcagg aatcaggagt tccagaagca tatacatgtg180  
 35 gctacccag caacaagcg catcctgtgc tcagataagc tgcattggtg ggaagtgtt240  
 ttctctgcac gttgaggctt agtggagatg ggcaccactg ccatttgctc agaagaaggc300  
 tggctcggc ctaactgcat cccacactgc ccagatcatt ctagataggt tattttctga360  
 atgtttatag atttcttata 380

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1253 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

10

```
gcggccccgac tccagttagg agccttgatg ccggagggga cagtgggtcg ccgagagcgc 60
ccggaggggaa ccgcctggcc ttcggggacc accaattttg tctggaacca ccctcccggc 120
gtatcctact ccctgtgccg cgaggccatc gcttcaactgg aggggtcgat ttgtgtgtag 180
tttggtgaca agatttgcac tcacctggcc caaacccttt ttgtctcttt gggtagccgg 240
15 aaaactccac ctcaagtttt cttttgtggg gctgcccccc aagtgtcggt tgttttactg 300
tagggtctcc ccgcccggcg ccccagtggt tttctgaggg cggaaatggc caattcgggc 360
ctgcagttgc tgggcttctc catggccctg ctgggctggg tgggtctggt ggcctgcacc 420
gccatcccgc agtggcagat gagctcctat gcgggtgaca acatcatcac ggcccaggcc 480
atgtacaagg ggctgtggat ggactgcgtc acgcagagca cggggatgat gagctgcaaa 540
20 atgtacgact cgggtctcgc cctgtccgcg gccttcgagg ccactcgagc cctaattggtg 600
gtctccctgg tgcgtgggctt cctggccatg tttgtggcca cgatgggcat gaagtgcacg 660
cgctgtgggg gagacgacaa agtgaagaag gcccgatatag ccatgggtgg aggcataatt 720
ttcatcgtgg caggtcttgc cgccttggtg gcttgctcct ggtatggcca tcagattgtc 780
acagactttt ataacccttt gatccctacc aacattaagt atgagtttgg ccctgccatc 840
25 tttattggct gggcagggtc tgccctagtc atcctgggag gtgcactgct ctctgttcc 900
tgtctgggga atgagagcaa ggctgggtac cgtgcacccc gctcttacc taagtccaac 960
tcttccaagg agtatgtgtg acctgggata tccttgcccc agcctgacag gctatgggag1020
tgtctagatg cctgaaaggg cctggggctg agctcagcct gtgggcaggg tgccggacaal080
aggcctcctg gtcactctgt ccctgcactc catgtatagt cctcttgggt tgggggtggg1140
30 ggggtgccgt tgggtgggaga gacaaaaaga gggagagtgt gctttttgta cagtaataaal200
aaataagtat tgggaacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1253
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 439 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

5 ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgttttg tgctctgact 60
   gtttgtagt atcactctca agaatgaaga gaaacctcaa cctttctgtt tccggccaac120
   tttattgaat ttgttttttt aaatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
   aatttagatc tgttctctga gtaagacttg gcgagtatgt gaaacttgac tcaagttaca240
   tttctttttt tctgtccccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
   atgaacattc cagtgcctgg gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaaccaa360
   caagaagacc tcatgagaga ggtgggaagg accttaactc ctgtttttct ggtggtttcc420
10 ctttggttgt accttttaa                                439

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1252 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

35 tggacctgcc cgacgccctg ctgcccgact tgcccgcgct ggtgggcccc aagcagctga 60
   tctgtctggg aaacaaagtg gacctctctg cccaggatgc tcttggctac cggcagaggg 120
   tgcgggagcg actgtgggag gactgtgccc gcgcggggct cctgctggcc cctggcacca 180
   aggccacag cgccccgtca aggacgagcc acaggacggg gagaatccga atccgccgaa 240
   ctggtcccg cagtggttca gggacgtgcg gctgatcagc gccaaagaccg gctatggagt 300
   ggaagagttg atctctgccc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggacg tctacttagt 360
   gggcgccacc aacgcccggc aatccactct cttaaacacg ctctggagt ccgattactg 420
   cactgccaa ggtcccgagg ccatcgacag agccaccatc tccccttggc caggtactac 480
   attaaacctt ctgaagtctt ctatttgcaa cccaactcct tacagaatgt ttaaaaggca 540
   tcaaagactt aaaaaagatt caactcaagc tgaagaagat cttagtgagc aagaacaaaa 600
   tcagcttaat gtcctcaaaa agcatgggta tgtcgtagga agagttggaa ggacattctt 660
   gtattcagaa gaacagaagg ataacattcc ctttgagttt gatgctgatt cacttgcctt 720
   tgacatggaa aatgaccctg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780
   tgcacaagat gtgaaagatg ccactgggtt ttatgacacc cctggaatta caaaagaaaa 840
   ttgtatttta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaatatt gttttgcaa cacagtccat 900
   tgttccaaga acttttgtgc ttaaacagg aatgggtctg tttttgggtg ctataggccg 960
   catagatttc ctgcagggaa atcagtcagc ttggtttaca gtcgtggctt ccaacatcct1020
   ccctgtgcac atcactcct tggacagggc agacgctctg tatcagaagc atgcaggtca1080
   tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctctt1140
   ttgctgaaga cattaatggt taaaagaaag gactgggggc aacctggaag cagtggggcc1200
55 acatcaaagt ttcctctgca ggtaatttta tgccaagcac tttttaaaaa gt 1252

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 695 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

30 tgttcattgc ctctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcggggagtg aaggcctcgt 60  
 tgagagaagg tctcattcgg tgttttggga agagagtcgt gtggggcccag gtatcgtagc120  
 ggcgacacga gagagacggg cgggtgtgaca gccttccact acctgcacga gtgtattggt180  
 ctgtctgcta tcagctatgc cgctgcccgt tgcgtgcag acccgcttgg ccaagagagg240  
 catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgccgagg actatgacga300  
 tgatcctgtg gactacgagg ccaccagggt ggagggccta ccaccaagct ggtacaaggt360  
 gttcgaccct tcctgcgggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg420  
 gctctcccca catgacccca actccgtgggt taccaaactc gccaagaagc tcagaagcag480  
 35 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca ggggccatga540  
 caagtcggac cgagccatg agaaactaga cagggggccac gacaagtcag accggggcca600  
 cgacaagtct gacagggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcgga660  
 ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga gggcc 695

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2514 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

10

```

cggcgacggc gcgggggcag ctgggaatcc ggaatgctgc ccgatggccc tgggtcctcg 60
ctgtggggca atccgggctt gcagacgagt tttagaaaga gcgttttcgc tacgtaaagc 120
acattcgata aaggatatgg aaaatacttt gcagctggtg agaaatatca tacctcctct 180
gtcttccaca aagcacaaaag ggcaagatgg aagaataggc gtagtggag gctgtcagga 240
15 gtacactgga gcccataatt ttgcagcaat ctacgtcttc aaagtgtgac agccccaatg 300
ctgttcatga ggtggagaag tggctgcccc ggctgcatgc tcttgtcgta ggacctggct 360
tgggtagaga tgatgcgctt ctcaagaaatg tccaggcat tttggaagtg tcaaaggcca 420
gggacatccc tgttgtcctc gacgcggtg gttgacttct ctctcctgg ctcgactcc 480
cggaaggcct gtgcagtgc cagggctcct tgttctgtgc aggatggcct gtggtaggtc 540
20 gctcagcagc cgccctcat ccatggctac cggaaggctg tgctcactcc caaccacgtg 600
gagttcagca gactgtatga cgctgtgctc agaggcccta tggacagcga tgacagccat 660
ggatctgtgc taagactcag ccaagccctg ggcaacgtga cgggtgtcca gaaaggagag 720
cgcgacatcc tctccaacgg ccagcagtg cttgtgtgca gccagggaagg cagcagccgc 780
aggtgtggag ggcaagggga cctcctgtcg ggctccctgg gcgtcctggt aactgggcg 840
25 ctcttctgtg gaccacagaa acaaatggg tccagccctc tctgtgtggc cgcgtttggc 900
gcctgctctc tcaccaggca gtgcaaccac caagccttc agaagcacgg tcgtccacc 960
accacctccg acatgatgc cgagggtggg gccgccttca gcaagctctt tgaaacctga1020
gcccgcgcag accagaagta aacaggcacc ttggacgggg gagagcgtgt gtgtgatggg1080
aaaatccgga cccacgcgtg tgctgaaggc gtacggtgct tgccagattt tcaacttgag1140
30 cataaattgg ttgccattga gaatttaaga atctggaata ttgcagcttt tggttaaact1200
taatgcattg ttggagatgt tatggcgaca ctaaacaaag tattcctgaa ctttcttag1260
ctccttggta gtaactggga agacagaaat gaagaaaatc acatgagaat gaagaattct1320
ttagcagctc aacagagttt ctgggcctgc tcccagatcg gcgaagtttc tacttgttac1380
tctctctgcc ggcgccttc gtctcctcct tgcttccctt cctagtctt tcctccggca1440
35 gggagctggg caggggtccc cgggtgtctc cctgagtcct gactgcactg actgggtcca1500
tcagagggct gcttcgttct ccagctcatc ttcttttaa gtggtgacta gcttgggtgt1560
atctggctgc tgggtgtttg cttattgaca tactccaggg taatcaatga tgactttgtt1620
tggaaacctt tttggaggca ccatgggaac agaaggaaac atgagtgcag ctgaccctgt1680
agtgtgtggg tggggagctc tgagacgcct cctgtcccac gctctccggt gtccgtgtct1740
40 acacaggggt ccccatgata cccaccggcc ccagcagggc agaccggacc ggggacgggc1800
acggtgaagg gctgcagcct ggggtctgac gtggccctta gtgctgtctc aggagaaggc1860
tctggaggac ttgaggcatg ctgggccttg tgacgtgatg gcgctaagga gaccggggga1920
aagacagtat cgtggtcacg tatgcttagg aagcagcaca gccgtgtcct tagggatgtt1980
cgcgatcagt aaagacactg gtaactgcgg tttcagccaa cactcttcat ggcagtgtcg2040
45 acctcggtt agcttctgtt gtctttgtgg atgggtttcc tggagcggcc tgacgttgac2100
gtgttctctg gtcccatgtc tttagcgggc atggtacggt ttcgtgcctg acgctgcat2160
tagggtgttc tcttatactt tcagtagcat ctttccacag caagggccaa accctcctgg2220
ttcccttcag agtctttttg gcctgatgat gactcttgag tgataccctg tgatgcagac2280
atgccccaga tggattctac tttcttttaa actagggact ttcaagatta aaaaaagat2340
50 tgtcactact aatttgacgc ctaacttcag aagcttctact gtctacatgt gaacttttcc2400
agaaaaactg tgccatggac atttttcctc tggggaatta acatctaaat tctgtaact2460
attaaaaagc agatctggtt aatttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataa aaaa 2514

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 274 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einz I  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

20 cagagatctg ctgtgattat tcctttttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60  
taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gagtgccatc tcacggtaac120  
aggcagaaga caaaagtga accgggctga tgcgaatcac tgggaaactg gctttggcac180  
ctccagagaa tgaactgttt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240  
aggcagtgat cagcccattc cctgcaaggt gaag 274  
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 449 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

50 cgggttttagc ggcagctctt cgggattggt tccattgccca ccctaaccgt gctggcctat 60  
gaacggtaca ttgcgtggt ccatgccaga gtgatcaatt ttctctgggc ctggagggcc120



```

attacctaca tctggctcta ctcactggcg tgggcaggag cacctctcct gggatggaac180
aggtacatcc tggacgtaca cggactaggc tgcactgtgg actggaaatc caaggatgcc240
aacgattcct cctttgtgct tttcttattt cttggctgcc tgggtggcgcc cctgggtgtc300
atagcccatt gctatggcca tattctatat ttccattcga atgcttcgtt ggtgtggaag360
5 atcttcagac aattcaagt atcaagattt taaaatatga aaagaaactg gccaaaatgt420
gcttttaatg atattcacct tcttggtcg 449

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact tttcatatta 60
35 agtcctgtct tagccaaggg agaagaatgt aaggataaga ccaccaatat cacaggggct120
gtctgagcct ttacctgtga ttttgtacca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180
aagtcagcta tgcagttcat aaaagtggac ctggttatat gtcacccaac agcatatggt240
cctgcaagc ctgttttggga agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300
atgtctttgg aagcaatata ttttcccagg gttccaatgg actacg 346

```

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1329 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

10

```
ccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttctcctccc gcatccttga tggcttaatt 120
cacctagcag ccaggttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcac 180
gtttgtacag tagaccccca attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
15 atcgccattt tcttaaagta cagtaaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctgggtc gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
ccattgatat cctgacaaca gtagtacgaa atacaaagcc tcccctttcc cagcttctca 480
tctgccaagc tttccctgct gtggcacagt gtacccttca cacagatgac aatgccatca 540
20 gtgcagaatg gcggagagt cttgcggggc tatgtgtcag tgacctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcagg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc cccgcacctc agagtccact gcggcctttg tgggcgcgct tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggggc ggaactcggg gagaatctag accagattct tcgtgccatc 780
ctcagtaaga tgcagcaggc agagacgctc agtgtcatgc agtccctgat catggtgttc 840
25 gctcatctgg tgcacactca gctagaacct ctcttgagg tctctgtgtag cctcccagga 900
cctactggca aacctgctct agagtttgtg atggctgagt ggacaagccg acagcacctg 960
ttctatggac agtatgaagg caaagtcagc tctgtggcac tctgtaagct gctccagcat 1020
ggcatcaatg cagatgacaa acggctacag gatattcctg tgaagggaga ggagatctac 1080
agcatggatg agggcatccg caccgctctc aagtcagcca aaaaccaga acgctggaca 1140
30 aacattcctt tgcctgtcaa gatcctaaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg 1200
ggaggtctaa gccgtccgc caggccactc ctgcagagt ggagtcaaag gtgcacgaag 1260
gccccttact tcccaggaag acttttagcc tgggcagatc aagttacaaa ttgtcaaatt 1320
atccaggaa 1329
```

- 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

5  gccccatca gttcgaattt ctgcagtga agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
   gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttctctccca gcatccttga tggcttaatt120
   caccctagcag ccaggttcag ctccagaggct ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc180
   gtttgtacag tagaccccca attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc240
   atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc300
   ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc360
10 actctgggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgcgaca420
   cccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctcccctttc ccagcttctc480
   atctgccaaag ctttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc540
   atgcagaatg gcggagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc600
   cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtgggtat tgatgcaagt ggtgagccag660
15 ctcttgacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggccgcct ttgtttccac720
   cctcatctcc aaggcagggc gggaaactcg ggagaatcta gaccagattt cttcgtgccca780
   tccttcagtt aagatggcag gaggt

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```

45  accaggtcaa gctcacccca aactattacc ttcatgcat gtgttgatcat accctgtgga 60
   gatctccaaa gtcaaaagca actgtcagac tcagagaagt atctgtgccc ctttaagata120
   aaaggctccc cctatcaaga cccttggtcc ttaacgaatg caggaaaaca ggtctgccat180
   agctggaatg aggtgggtgtg gacaactgaa tatcaaggct ggacctcgtc aaccgggtggt240
   tgtatgtcct taaaaccata cattcaattc actaaagaaa gtacccccc taattgccag300
   tataaccaat gtaatccagt gcaaatctt attctcattc caacttctac tgaccctaaa360
   cctactttaa gttgcggtat atggcatggg agccgaaata gcaggggcac atcttattgg420
50

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 2143 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

20  
cggccgcctt tttttttttt ttttttaagt tgaacagAAC attttatttc tcagcaattc 60  
tatgcgtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaagca agagaaaatt 120  
cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gagtatgaaa 180  
gtactctaag attttatcta agttgccttt tctgggtggg aaagttaaac cttagtgaact 240  
25 aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggagggtgg aacgtgaatt gcaaacaggg 300  
cctgcttcag tgactgtgtg cctgtagtcc cagctactcg ggagtctgtg tgaggccagg 360  
gggtgccagcg caccagctag atgctctgta actcttaggc cccattttcc cctctgaaaa 420  
taagagggtt ggatcaaacg atctctgggg ccttagcatc tcaaatcctg tggatcctcc 480  
tacttacccc ttagagagcc ttactgggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttattt 540  
30 gcaagtggta agagcctatt taccataaat aatactaaga accaactcaa gtcaaacctt 600  
aatgccattg ttattgtgaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660  
attttaaaat cagttttgtg agtcattttac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720  
acaaccattg tttcctgttt ttctaaaca gtcctaattt ctaacactgt atatatcctt 780  
cgacatcaat gaactttgtt ttcttttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840  
35 caacaaactt gccctctcat gcttgctc tcaccatgct ctgctccagg tcagccccct 900  
tttgccctgt ttgtttgtgc aaaaacctaa tctgcttctt gcttttcttg gtaatatata 960  
tttagggaag atgttgcttt gccacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaatgtt1020  
caaattctaa gccacttaat agcgttttgt acattaaaaa tgacaagggt tattatacaal080  
gtagcctttt aaaaaattct cacacagAAC agctttgtat ttagacttaa agctgttgct1140  
40 actttgctag tgacgtttgt gtaaacagtc agtgccttag gccattgatt gattgattgt1200  
cagaatcaga agtgactaca caagagcatt agccagactt ttcagtgaga acaggtaaca1260  
ggctggcacc agcacttggt acagcacgtg gacaggacga cggaaaccag agttctctgt1320  
ctctccttca cagcagatgg actcttctat aggtggctgt taatttacac aaagttatat1380  
tcagaaatca ggaagccccg tgcgccaac acttgaagga gaactatgtt ccagttttgg1440  
45 tgttgaactt ctacgaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc1500  
aaagtacccc ccaaaagctg tttaaaagac cattccattt tttcctacac aaagtgcatal560  
ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagtttt1620  
cagttattcag tccctcatga acattttata gtcattctct cggccctgtt gtgaaatatg1680  
tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgcttttca cgctgatcaa gtaaatttat1740  
50 ggtgtctctt ttctgatctt caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgccag1800  
ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcatcttca tccatgttgt agtcattctt1860  
tctctcagtt ttctgtgtgt ttctcccttc ccgggcagct tctgtctcct cctcctgtcc1920  
gtcggggatg acaagctggt ctgctcagg gccctccatc tctggatttt cctggctcac1980  
tgacagggca gcctgcacct gtgggtctct gccagttct ccggctcccc cgaagcctct2040  
55 tccacctaca ggtctgtctt caacacctgc tccggcctg gctcctgcgg cagcctgtcc2100  
ctctgaggct ccgatcaaca ctgatctcat ggttcccttc cca 2143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 450 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```
25  tttttttaaa gccagctttt cttcagattt ttttggtggg caggctcgtga aagacaggtg 60
    aggaagtaga tcttgggctc agcatgcctc taaaagtata atttcttttt tttaatgtgg120
    aaagaaatgc ataactctgt ttctgttcct gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag180
    atactgggga tcccacagct ggggccactc agaggctacc aggaacgctt ccagtttgca240
    tctggctgtt agtgccagga ccagaaaccc acagacctct tcacagacct cctgaccgtg300
30  atgtccctga agcctggaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tggggtgttt360
    tgtggaaccc agtgaaactg tgtaaacaca gtggaactgt gttaattttg agtgggaagtt420
    caagttccgt ggagttcatt gggcccgttt 450
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 408 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

5      tgcaactgtg caccagctt gccagatttt tccccattac acccccagtg tggcatatcc 60
      ttggtcccca gaggcacacc ccttgatctg tggacctcca ggcctggaca agaggetgct120
      accagaaacc ccaggccctt gttactcaaa ttcacagcca gtgtggttgt gcctgactcc180
      tcgccagccc ctggaaccac atccacctgg ggaggggctt tctgaatgga gttctgacac240
10     cgcagagggc aggccatgcc cttatccgca ctgccagggtg ctgtcggccc agcctggctc300
      agaggaggaa ctcgaggagc tgtgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagttcca360
      accaagagtg tgctccagat gtgttggggc cctaacttgg cacagagt          408

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 311 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

      tacagttttt atcagtgatc acatttttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60
      acaggagaga aggcattgagt gcatggggta catagggaga tgagggcaag catcaccaag120
40     gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgcttt acaacctccc tggagagcaa180
      tttaaaaata tgaatcaaga tccttttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240
      tatgcacaaa aatatgtggg catccattga ctttccaacc tcttctcttt ccagggggaa300
      tattccttaa a          311

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 487 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15

```
gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggccaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccc ttctcctgaa cccagtgagg cagaatcata agccctgacc 120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag 180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg 240
20 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga 300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaaccattt tgagtatcac 360
tcttgcatatc tgttactatt atatttcttc tatatataga cagaaaggcc atttttagga 420
tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt 480
tcttaaa 487
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1902 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

50

```
gaggaaaaag aacaatgaac agcaacgata ttgactgtgc aactcagaca ttcctgcaga 60
aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg ggccttccc agcatttgac 120
tggttcattgc atagaatgaa ttaaatatcc agttacttga atgggtataa cgcatgaatg 180
```

```

tgtgatttta ttaggggcat ctgccaatc totcaactgt gttccttctc tgactttgcc 240
tggtcatcat ctaaggaggc tagatccttc gctgacttca ccattcctca aacctgtaag 300
tttctcactt cttccaaatt ggctttggct ctttcttcaa ctttccatt caagagcaat 360
ctttgctaag gagtaagtga atgtgaagag taaccaactac aacaattcta cagataatta 420
5  gtggattgtg ttgtttgttg agagtgaagg tttcttgga tctggtgcct gattaaggct 480
tgagtattaa gttctcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagtttgc tgcattttct 540
atgtgctgtt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgagc tatgccaaact tgggggtggt 600
acagagtact tcccaccaca gtgttgaaag ggagagcaaa gtcttatgga taaaccctcc 660
tttcttttgg ggacacatgg ctctcacttg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720
10  gtcactaaac atgttatcct taaaccccc gtatgcctga gttgaaaggg ctctctctta 780
ttaggttttc atgggaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggctcaaa 840
tcatctgagg ctgatagata tttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900
ggcataagca acagtttctt gaatgtgcca tctgagaagg gagaccagg ttgtgagttt 960
tcttttgaac acattggtct tttctcaaa ttctgcctt gctagactgt tagctctttg 1020
15  aggacagga ctatgtctta tcaatcacta ttattttcct gttacctagc atgggacaag 1080
tacacaacac atatttgtgt agtcttctaa aagactcctc tgattgggag accatatcta 1140
taattgggat gtgaatcatt tcttcagtgg aataagagca caacggcaca acctcaagg 1200
acatattatc tactatgaac attttactgt gagactctt attttgcct ctactgcgc 1260
tgaaaatgaaa ccaaaacagg ccgttgggtt ccacaagtca atatatgttg gatgaggat 1320
20  ctgttgctt attgggaact gtgagactta tctggtatga gaagccagta ataaacctt 1380
gacctgtttt aaccaatgaa gattatgaat atgttaatat gatgtaaatt gctatttaag 1440
tgtaaagcag ttctaagttt tagtatttgg gggattgggt tttattattt ttttctttt 1500
tgaaaaatc tgagggatct tttgataaag ttagtaatgc atgttagatt ttagttttgc 1560
aagcatgttg tttttcaaat atatcaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggaag 1620
25  gcaattatat tattcttctg tagttaagca aacacttgtt gagtgcctgc tatgtgcacg 1680
gcatgggccc atatgtgtga ggagcttgtc taattatgta ggaagcaata gatctcggt 1740
gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaatat 1800
cagagctgag ttatccccag tgtagcttcg ttggggattc cagtttcttg gaacgagagt 1860
tagggccatt ttatttaaaa gaaactccc gttgagaccg gt 1902
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

55

```

ctcacccgtcgt tctacaccgt gttctacggt ctgctcttcg tggtcatcta cgtgcagctc 60
tggtggtgct tgcgttaccg ccacaagcgg ctgagctacc agagcgtctt cctctttctc 120

```



```

tgcctcttct gggcctcccg gcggaccgtc ctcttctcct tctacttcaa agacttcgtg 180
gcggccaatt cgctcagccc ctctcgtctt tggtgctctt actgcttccc tgggtgcctg 240
cagtttttca ccctcacgct gatgaacttg tacttcacgc aggtgatttt caaagccaag 300
tcaaaatatt ctccagaatt actcaaatac cggttgcccc tctacctggc ctccctcttc 360
5 atcagccttg ttttcctggt ggtgaattta acctgtgctg tgctggtaaa gacgggaaat 420
tgggagagga aggttatcgt ctctgtgcga gtggccatta atgacacgct ctctgtgctg 480
tgtgccgtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtcctt agccaacatt 540
tacttggagt ccaagggtc ctccgtgtgt caagtgactg ccatcgggtg caccgtgata 600
ctgctttaca cctctcgggc ctgctacaac ctgttcattc tgctattttc tcagaacaag 660
10 agcgtccatt cctttgatta tgactggtag aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720
cagctgggag atgctggata cgtattattt ggagtgggtg tatttggttg ggaactctta 780
cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gttagaaatc ctacaaagga ccttaccac 840
cctggaatgg tccccagcca tggattcagt cccagatct tatttctttg acaaccctcg 900
aagatatgac agtgatgatg accttgcctg gaacattgcc cctcagggac ttcagggaag 960
15 gttttgctcc agattactat gagttgggga caacaaacta acagcttctt ggcagaagca 1020
gggacttttg aaagcctcaa agtttgga 1048

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 804 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttatttgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttctctccca gcatccttga tggcttaatt 120
45 cacttagcag ccagttcag ctccagagtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatac 180
gtttgtacag tagaccccca attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat ccgctcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
gccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctcccctttc ccagcttctc 480
50 atctgccaa gctttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540
atgcagaatg gcggagagt ctgctgggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcgcctt tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggggc ggaactcggg gagaatctag accagatttc ttcgtgccat 780
55 ccttcagtta agatggcagg aggt 804

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 581 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
25  tctttgatca gatttagtgt cttaggtaat taaatcagaa agtctattta gctattctag 60
    aagtgtatgt gtaggtattg ggtggttggg gttctttgag cgaacttgtc agaaactcca120
    ttcttaacat cagaatcagg gcaggattga aaacattgtg gctggatctt gaaattgcta180
    taacatctat tgcagaaaaat gataggtcag atggatagca ataataatta tatatcagat240
    cttagtaaca aaattaccaa gctttatcta gtggatatat gtaaaagaat atttttaaat300
30  gtccagcatt gatgtatttt ctttaagaat tattacagta tataagcatt ctttgggaat360
    acagtataaa aacataaaatt ttttcgtatt ttaattttt tttattttt ttgtcaagga420
    tgaatcctcc cctgtaaaaat attgattttc gcctaaattt cggggtttcc ctggcacata480
    atagcactgg cccaacttc ggagatggcg gatgcgggta aaaagccaaa aggatggatg540
    gggatccgga aatacgtggt ggaatggaag cgaatccaat a 581
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct tttgttttt 60
ctttgggggtt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
10 aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcaact ccaccacagc aggagggtgt 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggtgg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttcctg ccaccacgc acttgctgag 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcacccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
15 gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aagggtgttt 660
acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttgta tgtgttacta tcccaagcct 780
20 ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttctg gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag 1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat 1080
25 tcagtgttta gcacagtgt tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttcctgt tgattcaaaa 1200
ataataccta catgaaaaa tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt 1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggac ttactgtatt ctgaaatgca 1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380
30 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccac 1440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta 1500
aaatgggttc tctggcagac tgcacccctt gactcaaat taacagtatt ctttgaatg 1560
caataataga ggcttttctg cgtttaaggga gaaggaaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
cccaggcagg tccctttgcc ggcccttaca ggctgggtg gccctcctg tccctaggga 1680
35 tcagactccc agactggtta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccctggc 1740
cgctcctgg agaaaaccaa cccacccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800
gcctctcaga acagctccta gagctgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaa 1860
tatcggtttg ctttttgttt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc 1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980
40 ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
ag
2042

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 430 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
10 gttaaaaacc tagtattcat tttttttttt cctgtacca aacaatcatc ttcctttatt 60
    tttcctggag cgggaagagg agagtggaga agaaggggaag aatgcaaagt gtcactttga120
    acttctcggt caccacacac gtgggagtc cctcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180
    ccaggtgaaa gaaagaatga ggtctagttg gaccagctaa cactgcctgc cttgtgttta240
    cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacagggcc gggggccacga300
15 acctgcatcc tgcaccta gacacattt gccatgcggt gaggttaac ttgggaaact360
    tcaatttgc tggggtgcag attagctttc caaactattg tgatgctcat gcttgacttc420
    ccaaggactt                                     430
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 592 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```
45 aattaaaata aatagaaaca tacggagatt cttttatggt ggatttatta taccctccac 60
    cattttggtc cctgaaaagg gaaaagatac acggtcgagt agtacaggta tgtgtttccc120
    actacacatt atggctataa tggagttgaa ttgcaaacag taaaattttg ttttgatttg180
    gtttcccctg atccccccag acaggagctt cctctcccac cctacctgcc tgcccttaag240
    ttgtgtccta ttaaaactga cacaaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300
    gctacacacg gtgacaccag aatagctact tgttttttta tgttaccagt gagtaacttg360
    tttatccttg tatgtagaaa ctaatttcac catgatcaca gatctgtgta acatctctag420
50 tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actaggaaaa cttacacctt tttgttccaa480
    ggggtgctct catctattaa aaccgtgggg gcatacttcc agtggtgctt ctgagggcca540
    aattttgtgg gtcgtggggg acaattttgt attaacatac gttattttgt aa 592
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 674 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```

25  aaggccgcgc aagtgcactt gcgtgtcacc gttaccgtag cgactgggct tctggactgt 60
    atatacctagc tgccttgta acatcttcga gcatcggcag ctccggaggc cggggtaact120
    ggcagcaggt aggaactat gtgaaagaat ctccctgatgt cataatttcc ggggtgcacc180
    ggaacatttg atcatcatc ctttggaat tccagccttc tgtggaaagg ccagtagaaa240
    gcattgattt attcacctct acaggaatca gactcagcct cttttggttt tcagtgaagt300
30  atgccttttc aatttgaac ccagccaagg aggtttccag tggaaggagg agattcttca360
    attgagctgg aacctgggct gagctccagt gctgcctgta atgggaagga gatgtcacca420
    accaggcaac tccggagggt ccctggaagt cattgcctga caataactga tgttcccgtc480
    actgtttatg caacaacgag aaagccacct gcacaaagca gcaaggaaat gcatcctaaa540
    tagcaccatt aagtcttttg tcaaggtctg actaggtcaa gggtaatgga ccagtatcat600
35  ctggatgatct ggtaaacaaa taaaagtggg ggcaccttta gatgatgaaa aaaaaaaaaa660
    aaaaaaaaaa aaaa                                     674
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 324 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

10 gttcttttca ttccatcact ttaggtgatg ggtaagattt ttgaaagcct tatatTTTTT 60
   gatTTTgttg tctagTTTaa tcttaccttt aatagTTgtg tttggTaaaa ttcccacttg120
   aatgtgacac tgataataat tatgctgatt tttagcatct cttataggaa tcaaagTTTa180
   ttaaagttac atagaggatt gaaaaatgta tatcactcaa tttttatcta aggagggata240
   gggTataaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatccttt tttccataac300
15 catttgggat gctttaaggc aatt                                     324
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 709 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

   ggatgcggca ctataacatc ccggtcagag tgtgtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60
   atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctccttg gcttgggctg120
   caggTTTggg ggtctcTaaG aacaatctct gagaagaacc cttgggcccc tgggagccaa180
45 gttggacagg atgtcctgaa gactagcttt tgataagaga aattaaccaa gtctttcccc240
   tcatctatga tgcaatatat ttcagtgggg gccttcagag cacacctgtt ggacggtgca300
   aacctatatc tctccagaag gcaaatactt ttgtatcaga ggaaactcag ttttggagag360
   gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaac tctctctaata ggtaaactgg cttctaattt420
   ttttaagtac agtattTTTT tttccctttt agtagtaacg ggTTTctata gatcttccTa480
50 tacagtctgc ttttaactcag gaccttgaga ttatgagact gacgtgctgc ccactgcact540
   gagggggctt ctaacagtct gctttaagtG gtataattct gggatagatc tgttactggc600
   atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctcctttt tatgaaggga agagcaatgg660
   tttggactta catctaaatt aaggctatTT taagcagatt gTTTTgcaa          709
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 562 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

25 gtccagatgg aatgaactccc atcctctcct catctcccct ttgacgagcc tcaaactgct 60  
cagctcatca aagagccatt gccaaacttcc gtatgtggtt ctgggtccca gggagccttg120  
gaacctggca ccctggggtg gtttaattcc ggcacgagag cattcctgct tctcaaggga180  
cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgat catgtgcatt cctgcttctc240  
tggggacaca gtggggccac atggggccagc atggaccctg ggctagagca agcacatctc300  
30 catctcttcc acctcaggca gtgtggctcc agatgtcagg agggactgac ctcaggacct360  
tccaggttcc tctgtgccag gaatgagagg ccaggcccga tcctaccacc tcgccttgac420  
cctgaagtca gagcaggcca gccaaagcagg aagcacactg ttttaatttt tgcattggaaa480  
gtaaatgtgt actttgatag gggttaaaata tgggtctttt taagttgctc aaccccataa540  
tttgagccat tgccttgctt aa 562

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1948 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```
gatacccaag acacacaaag tagaccttgg gctcccagag aagaaaaaga agaagaaagt 60
ggtcaaagaa ccagagactc gatactcagt tttaacaat gatgattact ttgctgatgt 120
ttctccttta agagctacat cccctcttaa gagtgtggcc catgggcagg cacctgagat 180
10 gcctctagtg aagaaaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gcgaggagca 240
tgtagaacct gagaccacgc tgcctgctag acggacagag aagtcaccca gcctcaggaa 300
gcaggtgttt ggccacttgg agttcctcag tggggaaaaa aaaaataaga agtcacctct 360
agccatgtcc catgcctctg ggtgaaaaac ctcccagac cctagacagg gtgaggagga 420
aaccagagtt ggcaagaagc tcaaaaaaca caagaaggaa aaaaaggggg cccaggaccc 480
15 cacagacctc tcggtccagg acccttggtt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttgg 540
ggacacttgc tcagtgggga agaaggatga ggaacaggca gccttggggc agaaacggaa 600
gcggaagagc cccagagAAC acaatgggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660
gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccagggtc atggagagca gccctaggaa 720
aggaagtaaa aagaagccag tcaaagttga ggctccggaa tacatcccca taagtgtatga 780
20 ccctaaggcc tccgcaaaaga aaaagatgaa gtccaaaaag aaggtagagc agccagtcac 840
cgaggagcca gctctgaaaa ggaagaaaaa gaaggagaga gagagtgggg tagcaggaga 900
cccttggaag gaggaacacg acacggactt agaggtggtg ttggaaaaaa aaggcaacat 960
ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggccttg caagaagaga tcgatcgcg1020
gtcaggcaaaa acggaagctt ctgaaaccag gaagtggacg ggaacccagt ttggccagt1080
25 ggatactgct ggttttgaga acgaggacca aaaactgaaa tttctcagac ttatgggtgg1140
cttcaaaaac ctgtcccctt cgttcagccg ccccgccagc acgattgcaa ggcccaacat1200
ggccctcggc aagaaggcgg ctgacagcct gcagcagaat ctgcagcggg actacgaccg1260
ggccatgagc tggaggtaca gccggggagc cggcctcggc ttctccaccg ccccaacaal1320
gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaagatt aaactctaga1380
30 gttttgtccc cccaaaactg ccacaattgc tttgattatt ccatttatgc tggagattac1440
aaattttttt tgtgaaaaaa tcagatcttg gtgaggacct cgagcagtaa gatataaata1500
actccataaa ctttagcgtt ccagtaatgg aacactaggc ataatgggtt tattcagttg1560
tgcaaatgaa agccatctga cagttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacga1620
ggacaactat attgatgggc ttggatgaac tggggcaggg cagctcatat ttcgggagcc1680
35 aggagaacga gtgagtgtta aaacctcctg ttttctgtgt taaacattcc gtccctgttt1740
gagacatcac taagtacagt taacttttgt tgagtgttta gcaggtaacta gggacatact1800
agtgttttcc ttaatgtatt taatcttcac aattatgaaa tgggtgctat tattagcccc1860
atcttataga tgaggcaact gaggttcagg gataaagtaa taaaattgcc tggggtcacc1920
40 cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1948
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 483 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```
10 aatttatggg gtctatcttt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60
   atgtatctaa cagttttata gtgaaagtac tttttaaaaa agtatttgaa tggtcatttc120
   tatttttccc cctttgctgt acaagttaat ttttactcat cttttgctgt acaaattaac180
   tttcatcaat acaaataaga ggctagtttt aagtcaattt atttgtcatg agcccaggaa240
   caattaaatt ctataaagta atgtattaaa atagtacact ttaaaaatta ttttccttct300
   ttttttctct ttaaatTTTA agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac360
15 tatatactac tatcagtcaa tggggaaaaa ataagtccat atgttttatg ggtaaaatgc420
   tgtaatatagat tgggattgtc caatttgcct tgaaaaaaat cacagcagtt tttaggtttc480
   cct 483
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 437 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```
45 cccgcttgag gcgtaggggg tggcgctctc cgttcggcgg cgctcccatg gcgcacatta 60
   ccattaacca gtacctgcag cagggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt120
   gtgcagagtt ggtgtctttt aaacatcctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct180
   ctccagagga gaagtgtcaa caagtcttgg aacccctta tgatgaaatg tttgcagctc240
   atttaagggtg cacttatgca gtgggggaatc atgacttcat agaggcatac aagtgccaga300
   ccgtgatagt ccaatcattc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc360
   tgctgtcatg tatgcagtag cgcttgacct ttcgagtgtt tgccaataat gcagttcaac420
50 cagttgggta aggaagg 437
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 359 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcaggggaag tgacacaggc 60  
ctgtgtcatc tcgctttggc agcaggtggg tggccttcct caggggagga ggtggcctga120  
gatgtgtttc aggtctttga cccatcactc cctacacaca cgacgtgaac accactcctg180  
gagcattctc agaatggaga tttgaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240  
atcattcccc acacaccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagttccttg300  
tttcagattt gaaggtttta tgaatccact tcttcggat gtagctcttt aatgatattt 359

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 501 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

tgggcgtcac atcctgagtc ggcctctctgc cgaggcggag cggacatgca ggctccccgc 60
ggcaccctag tcttcgccct ggtgatcgcg ctctgtcccg tcggccggga accttctagc120
5 caaggatctc agagtgtttt acagacatat gagctgggaa gtgaaaacgt gaaagtccct180
atTTTTgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggaaagagct tgataaatgg240
atgaacagca tgaatagaaa tgccgacttt gaatgtttac ctaccttgaa ggaagagaag300
gaatcaaadc acaaccaag tgacagtga tccataacct gaatggcgct catgttttcc360
aagagaagca gccctgagg gagtctgctg aggctgccaa cagaggatga agaggataca420
10 aatttaatta atttcaaadc aacatagaca caagaacctt ttgctgtttc ttccaacgcc480
cactcttcct aatgatggca t
501

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1102 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

cgggatctcc cgaaggaatt tacggggatt cctcggacca ttatcctcag gcaagaaaca 60
aaaccaaact tggactctcg tgcagaaaat gtagccatt accacatgta gccttggaga 120
cccaggcaag gacaagtaca cgtgtactca cagagggaga gaaagatgtg taaaaaggat 180
40 atgtataaat attctattta gtcactctga tatgaggagc cagtgttgca tgatgaaaag 240
atgggtatgat tctacatatg taccatttgt cttgctgttt ttgtactttc ttttcaggtc 300
atttacaatt gggagatttc agaaacattc ctttcaccat catttagaaa tggtttgcct 360
taatggagac aatagcagat cctgtagtat ttccagtaga catggccttt taatctaagg 420
gcttaagact gattagtctt agcatttact gtagttggag gatggagatg ctatgatgga 480
45 agcataccca ggggtggcct tagcacagta tcagtacat ttatttgtct gccgctttta 540
aaaaataccc attggctatg ccacttgaaa acaatttgag aagttttttt gaagtttttc 600
tactaaaaat atggggcaat tgttagcctt acatgttggt tagacttact ttaagtttgc 660
accottgaaa tgtgtcatat caatttctgg attcataata gcaagattag caaaggataa 720
atgccgaagt cacttcattc tggacacagt tggatcaata ctgattaagt agaaaaatcca 780
50 agctttgctt gagaactttt gtaacgtgga gagtaaaaag tatcgggttt attctttgct 840
gatgtccttt ctgcttgaaa taacagtcac catacagcta aaggagagga gtttctttcc 900
ttctaagtag gcagaaatgg tatcattatg ttgccgctct ccaatctccc agagctcgct 960
ctctagagaa tcaccttctt tcgcgttttt tttttttttt gagggtagga gtctcactat1020
gttgccccaa gactaggcct gggaactgtt ggggggccaa ggggattgct cccgtcccgc1080
55 aggcctcccg agtaggccgg ga
1102

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 306 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

25 gaccaacctt cctgccatt tatacggcat aaaacccctca atctcaccag tatggctacc 60  
aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa cttctggaat ttacaactca120  
gaaaaatctt caaatctatc tgtaacaact gatctctccg aaagccttca gagttctaata180  
attgaatcca aagaaatcaa tggaattcat gatgaaagca atgcttttga atcaaaagca240  
tcttgaatcc attttttttg aaaaacctta aaaagggcga tcacaatttt tttgaacaag300  
30 ggtcat 306

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:105

```

5  tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
   ctttgggggt tttggaatcc ggatgctggt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
   agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
   aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcaact ccaccacag aggaggggtgt 240
   gaagccttga gaacctcaag aaagggctgg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
   actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgctgag 360
10  gtgtggctga gccagaatca tgtgaatggg tgcatccaag gagtccaggg ccctgcttgg 420
   agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
   gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
   gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
   ggtaggtgtg tgccttttag ggccagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtgggtt 660
15  acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
   aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttgta tgtgttacta tcccaagcct 780
   ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
   ccattccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
   catgctcatt taggaagctg ggagtctcgt gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
20  ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaaa ttagctgtag 1020
   agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat 1080
   tcagtgttta gcacagtgt tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
   tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttccctg tgattcaaaa 1200
   ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt 1260
25  agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggac ttactgtatt ctgaaatgca 1320
   ctgggttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380
   actccagctg gaaaaggtaa aggtgacct tggctagcca catactggac cttacccac 1440
   tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta 1500
   aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt cctttgaatg 1560
30  caataataga ggcttttctg cgttaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
   ccagggcagg tccctttgcc ggccctaca ggctggggtg gccctcctg tcctcaggga 1680
   tcagactccc agactggtta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccctggc 1740
   cgctcctcga agaaaaccaa ccccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800
   gcctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa 1860
35  tatcggtttg ctttttggtt tggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc 1920
   aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980
   ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
   ag

```

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 320 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

aatcttttta ccatgaaatt tcttccagaa ttttccccct ttgacacaaa ttccatgcat 60  
gtttcaacct tcgagactca gccaaatgtc atttctgtaa aatcttccct gagtcttcca120  
10 agcagtaatt tgccttctcc tagagtttac ctgccatttt gtgcacattt gaggttacagt180  
agcatgttat tttacaattg tgactctcct gggagtgctg gagccatata aagtgggtcaa240  
tagtgtttgc tgccttgaga gttgaatgac attttctctc tgtttttgta ttactgtaga300  
tttcgatcat tctttggtta 320

## 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 506 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

gtcgaacagc aaagccaaga cttgttaaaa aggtttgaag aggaaggacc ataacaattg 60  
40 aaagggggaa attataagat acagtaaatt cctcttcaaa gatttagcct gttgacttcc120  
ttattctttg ttctcaaact cgacttcctt gttgtccatg cctccttgct cctagttact180  
gtgaacaacc ttcccaccag ttctaataca taactcacat ctgctccctt ggtaaccac240  
tctgcaccca ttcttccac tgaaactgca ctccccacca ctgtaactca catccccctt300  
cccttcttta tttgaaaag tattcacaaa tagccaatcg ggtcaactta gaatgagcgg360  
45 tccaacccca gccctgggg gagtgacaca gaggtaggga ctgtgttagg gataaaaacc420  
ttttccttc tttgttcagt gtgctgctgt gatcatgatt gatgcaggca gcagcctttt480  
tgcagaagta aattgccttg ctgagg 506

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:108

```
20  ggcgcggccgg  cgcctgcggg  gcgagagggg  cggggcgaag  ggaagctac  gtcccgagg  60
    tgcggtgtgg  ggcaccgggc  ggggcgcgg  gaaccgggc  cccacggagc  tgctgctgtc  120
    agaccaaccc  cgggccccca  tcatcactgc  gccgcgcttt  caggcgccga  gaactaccgt  180
    tcccggcatg  ccatgaaatt  ggcctcggcg  ctgaggcggg  gtccggccct  ccaccgctc  240
    ccgccgcgg  cgaatcgcg  tcgcgagcca  tggaggagga  ggcacgtcc  ccggggctgg  300
25  gctgcagcaa  gccgcacctg  gagaagctga  ccctgggcat  cacgcgcata  ctagaatctt  360
    ccccagggtg  gactgagggt  accatcatag  aaaagcctcc  tgctgaacgt  catatgattt  420
    cttcctggga  acaaaagaat  aactgtgtga  tgcctgaaga  tgtgaagaac  ttttacctga  480
    tgaccaatgg  cttccacatg  acatggagtg  tgaagctgga  tgagcacatc  attccactgg  540
    gaagcatggc  aattaacagc  atctcaaaac  tgactcagct  caccagctct  tccatgtatt  600
30  cacttcctaa  tgcacccact  ctggcagacc  tggaggacga  tacacatgaa  gccagtgatg  660
    atcagccaga  gaagcctcac  tttgactctc  gcagtgtgat  atttgagctg  gattcatgca  720
    atggcagtg  gaaagtgtgc  cttgtctaca  aaagtgggaa  accagcatta  gcagaagaca  780
    ctgagatctg  gttcctggac  agagcggtat  actggcattt  tctcacagac  acctttactg  840
    cctattaccg  cctgctcatc  accacctgg  gcctgcocca  gtggcaatat  gccttcacca  900
35  gctatggcat  tagccacag  gccaaagcaat  gggtcagcat  gtataaacct  atcacctaca  960
    acacaaacct  gctcacagaa  gagaccgact  cctttgtgaa  taagctagat  cccagcaaag  1020
    tgtttaagag  caagaacaag  atcgtaatec  caaaaaagaa  agggcctgtg  cagcctgcag  1080
    gtggccagaa  agggccctca  ggaccctccg  gtccctccac  ttccctccact  tctaaatcct  1140
    cctctggctc  tggggaaacc  ccaccgggga  agttgaggca  cccttccttc  caatttgcct  1200
40  aaccagtctc  caggagtggg  gtgggttttt  ccgtggcaca  ggttggggcc  ttaggggggg  1260
    ttgacgttcc  cttttt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 373 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

15 aaatacattt atgtttcttg aaatgtgtta agtggccttt gtcaagggtt ttataataga 60  
agagtatata aaaatgaatt tctctagaga tgcagcatat tctaaagatc catcattaga120  
taattaaaaa tatgtaagtc atgctaacat ttccatatat aaatggagaa cattaactct180  
cctactgttt agttataaaa taccaaattt tgtaattatc ctatctggaa ttacactata240  
ctgcaaaaat gccagttact tcacttttaa atttgacaat gtatgtgatg aattataaaa300  
tttaatagcc tacatctttt cctccttgta tccaaatttc tccggacctt aatgcttaaa360  
ccttttggtt acc 373  
20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 492 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45 gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tgggtcaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60  
agtcaactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtgccg cagaatcata agccctgacc120  
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca ttctcacca gttctgtgag180  
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240  
50 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300  
aatccattct gattgggttg agtctatgct ataccagttg ttaaactttt tgagtatcac360  
tcttgcatatc tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttaggaa420  
tatttaaagg gctcttgaaa attttctggc attagaccca actgaagggt ctattaaggc480  
agggttcccta aa 492



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

gcctcagcag actccttggg cggtagcagg gagatggtgc aacggcccca gcctgcacag 60  
 gaaccgagca ggccctggatc tgccaacccat agacacggga tatgattccc agccccagga 120  
 tgtcctgggc atcaggcagc tggaaaggcc cctgcccctc acctccgtgt gttaccccca 180  
 30 ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gttccctcag tttgaacctc agaggatcc 240  
 agcatgtgca cagatgctgc ctcccaatct tccccacat gctccatgga actatcatta 300  
 ccattgtcct ggaagtcccc atcaccagggt gccatattggc catgactacc ctcgagcagc 360  
 ctaccagcaa gtgatccagc cggtctctgcc tgggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420  
 aggcctgcac cctgtgcaga aggttatcct gaattatccc agcccctggg accaagaaga 480  
 35 gagggccgca cagagagact gctcctttcc ggggcttcca aggcaccagg accagccaca 540  
 tcaccagcca cctaatagag ctggtgctcc tggggagtcc ttggagtgcc ctgcagagct 600  
 gagaccacag gttccccagc ctccgtcccc agctgctgtg cctagacccc ctagcaaccc 660  
 tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttgccagaa gaattgcgga aagtctttat 720  
 cacttattcg atggacacag ctatggagggt ggtgaaattc gtgaactttt tgttggtaaa 780  
 40 tggcttccaa actgcaattg acatatttga ggatagaatc cgaggcattg atatcattaa 840  
 atggatggag cgctacctta gggataagac cgtgatgata atcgtagcaa tcagcccca 900  
 atacaaacag gacgtggaag gcgctgagtc gcagctggac gaggatgagc atggcttaca 960  
 tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgagttcata aaacaaggaa gcatgaattt 1020  
 cagattcatc cctgtgctct tcccaaatgc taagaaggag catgtgcca cctggcttca 1080  
 45 gaacactcat gtctacagct ggcccaagaa taaaaaaaaac atcctgctgc ggctgctgag 1140  
 agaggaagag tatgtggctc ctccacgggg gcctctgccc acccttcagg tggttccctt 1200  
 gtgacaccgt tcatccccag atcactgagg ccaggccatg tttggggcct tgttctgaca 1260  
 gcattctggc tgaggctggt cggtagcact cctggctggt ttttttctgt tctccccga 1320  
 gaagccctct ggccccaggg aaacctgttg tgcagagctc tccccggag acctccacac 1380  
 50 accctggctt tgaagtggag tctgtgactg ctctgcattc tctgctttta aaaaaacat 1440  
 tgcaggtgcc agtgtcccat atgttcctcc tgacagtttg atgtgtccat tctgggcctc 1500  
 tcagtgtcta gcaagtagat aatgtaaggg atgtggcagc aaatggaaat gactacaaac 1560  
 actctcctat caatcacttc aggctacttt tatgagttag ccagatgctt gtgtatcctc 1620  
 55 agaccaaaact gattcatgta caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaa 1678

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:112

```
gtcgccatga ctgccaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60
gccagctctg atcaaaggcc tgtggtccct tcatcgaggt ccaggtttgc cttttccgtg120
tctgtgcttg accttgacct caagccctac gagagcattc cccatcagta taaactggac180
ggcaagatcg tcaactatta ttcaaagact gtacgtgcc aagacaacgc cgtgatgtcg240
actcggttca aggaaagcga agattgcaca ttagttctcc acaaggctca actctttccc300
tgcagtgtct ttgaaacttg aacataatgt gaaggctgaa tgatagagat attttctgtt360
gtgttgggtg acctttggtt gtgaatgttt ttgcttttaa ccccttttga ggtgggattg420
cctcttgagg acatggaatt gaagagcact' agaaacaact tcctggacaa ggaatgtagg480
aagtgaagtgc tgtgtcccag gaagctgctc acactcttaa aatggaagtg tccgttaagc540
cctggggaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta600
atgcgaaaag ccttattcta agacccaagg tttggatctg ctaccaccag actcctaaca660
tagaaaactt gaattgtcac atacatttta cagtttggac ttttaagaaa acatggatac720
tactgggaac ttccccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgcgaag ccacatatca780
acacagggtt ttaagggtgg tgccctggctg cacacgtgaa ccccggtggc cccagatgc840
cgattctgag ccagtgtaga cccagg                                     866
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

10

gcgcggccgg cgctgcggg gcgagagggg cggggcggaag gggaagctac gtcccgagg 60  
tgcggtgtgg ggcaccgggc ggggcgcgg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120  
agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180  
tcccgcatg ccatgaaatt ggctcggcg ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240  
15 ccgccgcgg cgaatcgcg tcgagagcca tggaggagga ggcatcgctc ccggggctgg 300  
gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat cagcgcatc ctagaatctt 360  
ccccagggtg gactgagggt accatcatag aaaagcctcc tgctgaacgt catatgattt 420  
cttctggga acaaaagaat aactgtgtga tgcctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480  
tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540  
20 gaagcatggc aattaacagc atctcaaac tgactcagct caccagctct tccatgtatt 600  
cacttcctaa tgcaccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgtg 660  
atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720  
atggcagtg gaaagtgtgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780  
ctgagatctg gttcctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac acctttactg 840  
25 cctattaccg cctgctcatc acccacctgg gcctgcccc gtggcaatat gccttcacca 900  
gctatggcat tagccacag gccaaagcaat ggttcagcat gtataaacct atcacctaca 960  
acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaa 1020  
tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag 1080  
gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtccctccac ttcctccact tctaaatcct 1140  
30 cctctggctc tggaaacccc acccggaagt gagcaccct ccctccaact ccctaccagc 1200  
tccagagtgg tggtttccat gcacagatgg ccctaggggt gacctccagt tttgcgtgtg 1260  
gaccgtaggc ctctttctag ttgaatgacc aaaattgtaa ggcttttagt cccaccgaca 1320  
ttagccaggc tcgtagttag gcctccagag caggttgtgc tgtccctgc ctctggaagc 1380  
aatggggaat gtggaatcaa gacaatgccc aaaaaatttt taatgcagct ggctc 1434

35

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
40 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

5  
 ttggcagcgg ggagagggaa agaggaggaa atgggggttg aggaccatgg cttacctttc 60  
 ctgcctttga cccatcacac cccatttctt cctctttccc tctccccgct gccaaaaaaa120  
 aaaaaaagg aaacgtttat catgaatcaa cagggtttca gtccttatca aagagagatg180  
 tggaagagc taaagaaacc accctttgtt cccaactcca ctttaccat attttatgca240  
 10 acacaaacac tgtccttttg ggtcccttcc ttacagatgg acctcttgag aagaattatc300  
 gtattccacg tttttagccc tcagggttacc aagataaata tatgtatata taacctttat360  
 tattgctata tctttgtgga taatacattc aggtggtgct ggggtgattta ttataatctg420  
 aacctaggtat tatccttttg tcttccacag tcatgttgag gtgggctccc tgggtatggta480  
 aaaagccagg tataatgtaa cttcacccca gcctttgtac taagctcttg atagtggata540  
 15 tactctttta agttttagccc caatataggg taatggaaat ttctgcccct ctgggttccc600  
 catttttact attaagaaga ccagtataaa tttaataatg ccaccaactc tggcttagtt660  
 aagtgaagat gtgaactgtg tggcaagaga gcctcacacc tcaactaggtg cagagagccc720  
 aggccttatg ttaaaatcat gcacttgaaa agcaaacctt aatctgcaaa gacagcagca780  
 agcattatata ggtcatcttg aatgatccct ttgaaatttt ttttttggtt gggttggttt840  
 20 aaaatcaagc ctgaggctgg gtggaaacag gttagcctaca caccaccaat tgggggtggt900  
 ccggggggaa tgtt 914

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 685 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

gaaaatccag ggggaagaa tagatctgtg gtggcagggg tgggaaaggc ggggaggatt 60  
 tgcctactga ggggcagcac aagagaattt tgcggggcga tggatctgtc tgtatcttga120  
 50 ccatagtgat gatacatgac tgtgcatttg tcgaaactca caggactgaa tgaaaagaga180  
 agtgaatttt actgcatgtg aattgtttaa ataaatgcta gacagtattt taaaaatcaa240  
 gccagatcc tgcaagacat tatggctccc caccagaagg ggagagacgg ggaaaagaga300  
 gtgtcccca agttaaccca cgttccctgg gacccacctc cctccccact gccacttccc360  
 accagcctca cgcacgggcc aggcccttcc ctttgagct cacagcccag cagatgttag420  
 55 gtcagaatgc gtccccctcac ttgactaaag gtttacagcc agcagggtgg gaaatgaacc480

```

agatattaac acccctcct ccatgccctg cccaccttct gggccagtac cagtgaaggc540
aggaagccac ttctcccacc cccaggctgt tcccaaagcc ctggaagaac ccaaggaaag600
gcaggagcca agttgggagt tgaccttgat gaccaggggc cagttggccc agtttccctt660
gtttagtggg ggggagggaa ccctt                                     685

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2646 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

30 ttaatttaaat agctttcatg tgattaaaaa tagctaacta gactcaagga ttcacaatat 60
   ttagggtgat tttcaatacc tccagaaagg aaacctcagt taatcagagg aaatagtttc 120
   agtcttcatt tgagcatgtc ttccatctct aaaaaaatac tcttagtagg ttggagtga 180
   gatagcaagg ttttgaagca tatttgcctt aatccacagt gacacttttt atcttccagg 240
   agcactccta ggagggttccg tgcctaatac atgttgactg ctttgcagat ctcaagggaa 300
35 taaaatgaca aaagcaggga aagttacaga ttcaaacagc attttaactc atgttgatct 360
   ggataattaa tcttttctaa agatgtgtag tttcttgtaa aacagtgata tcacatgatt 420
   aaaattacat ttttatcaac ataattgtct ggaaaagata agccctcaa ttttctacca 480
   gttgactttt attcattaga tacagaaggt gcagtattac acatcaccag ctgcctttgt 540
   gaatggctca ctacacagcc attggggtac aactgtgtgc atgggcagaa acagcaagt 600
40 ccctcattgt ggtcattggg tggggagtgc cttttgtcaa ggagtctgca ggaattggct 660
   tatttctgta tgccaaagtg atcaacacac caaagtctct gccataaaga atgtggcttc 720
   cttgcatcct ccatcctgtt actctgggcc cagtaatttg atgtaactgt ctgattgtac 780
   tagagacagg agtataccca gcttattcat aatcaagtaa agagactcag attagatttg 840
   attttttagc ctctctaga gccaatcagg cagttaagag taataaagga aaagggtttg 900
45 gtcacaaacc ctaccattat ctggagatta ctctctgctg cactcctgtc ttgccatgca 960
   cgtcttgccc cctcactttt gctcagccta gcagtctact tcactttatt gccttgtaag1020
   tgtcaggcct cctgggcgct ctggaaaaga cagggagcca ggccctctca ccctactgg1080
   taacaggtca ttgctgggtg cacaagaggg aggtgatttg catcatggtc atgctgcatg1140
   ggcttactg ggatgctgtt aaacaccaga ggagccaacc tatcagaatc ccagcagca1200
50 aggaaaaactc agattttaga ggctttttac aataaagtag cgtaactcta gggtcatgatt1260
   gatttcaaat gctgcccagc aatgatttgt aagtaattat gtaggatcca tcaaagcagt1320
   attgtaggct ttgaattgt ccagtggtt cccagtgacc atttactgt ctctctgat1380
   cgtgttaatg atgcaatcag agttcaagac aggcccatg aagtctgact gcactgggat1440
   ggagaaatga atttcttccc actgaaggaa actctttctc attcgcagcc aagacgggag1500
55 tgccactgtt cctctcttca ctctgagat actgcttctg gaagcgggtg tcacttctct1560
   tctagtacct cttctcttct ctgaagtgtg tgactatctc ctagtgttta aatttggcag1620
   ttactcgcca tgtatgtcag catagaaaag gaaatgtttt taccttatct cctgtatgtal680

```

```

5  tgatagaact taaaagaaat gtgcatttgt tttcatagcc ccagcagaga aaatcctctt1740
   catagattaa atgtgctgct gtggacagga gggaaaaaaa aaccctctac atattgaaag1800
   gcaccaaagt taatatctga cactgttaag atgcccacaa gagcaaagtt gtagtggaga1860
   tgcagggtca tttcccccag ccatccacag tgtttgttag tgagtccacg gctgacttgc1920
10 agtgataaag aaaagcatgg agctgtgtct gcagacaatg gtggctgcat ctgtaagtgg1980
   cttcagaggc agcagccctg gggaaattga tgggtgtggc agtggacctg tgaagaggga2040
   gaatctagcc ttcagcctgt ccagtgttaa ccactagaga aactgagctt tatatccttt2100
   tttaatgcct gtgaatttta gcatattgaa acattagagc aaatactcag gggatttttc2160
   attaaacatc cctcagataa tttagctata tatcattaga aagggaagagc tatcattttt2220
15 attttaaaaa taaacaaggc catcttataa actgtcacca aagtcttccc ttttttattg2280
   catgtgtgcc ttgaatttca taaaacatta attcacaatg ggggtcagaa tgtactcttg2340
   ttgaaacact tcttgtacca ttttatgttc atattatgtt tgagagggtg aaaaatgtatg2400
   agcagcttaa ctgaagtaga actattcatg atgcttttca cacattgtgg cataagatgt2460
   aaagtttcta attaatgtta atttctgtgc attttaatat tcttttataa ttattaatgt2520
20 taatttctgt gcattttaat attcttttat aattatgagc attttaataa attcattttt2580
   acaacaataa aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggaagggaag aggaagaagg aggggggaag2640
   aggaag                                     2646

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2667 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45 ttatcttgga agtctgtgta tcaaaatgaa gaattcagat ggtaggaggt tctatagtcc 60
   ttttaaagct gactcttgag tgtcagttga atatccatta aattggattt ggaaataacc 120
   tgaggaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatat gtggcaggcc 180
   tgtgggtttg ggttctccct ctttctctg gaacatatga caattccaga ttaagaaaaa 240
   atgtttttta ataaataccc ttggctcttc ttctagtcac ctttgaggta gatattgtga 300
   tttctgggag tatagtatat cagtgtctct gtgtcttagg ttactagat gcaataatac 360
50 ttctctttga catttgtact gaagtgtatt gatattaagt aaaacagtta atgtttgaat 420
   ataggcatat ttataggttt ttccgcctcc cccccaaccc acccttttta aaaaatctat 480
   acaaagccct tgtttgagtc tcatcatgca catcaaatca tggagttagg tcttctctga 540
   gctcagggga acacaagtgc acagagagag atgtcttgag ggtcactacc aaagaattac 600
   cctcattgtc cctcaactcag gccatgtgta catgcatgac tgctgagtgt gctggggtgg 660
55 tgggtggcca cgtggctccc ccagagcact tcctaactgg caagctggga gaccattac 720
   tgggtgaactt tgtggaaatt agaactgtat cttttacata atcttggcat attacatttc 780
   ataataaaaa catacattta gttgcatgct acatcactat tgattttata attaatttct 840

```

```

taagcttcaa ccatgtttta taccttattt cgttacatca tatatttgta atgtgtaata 900
tgaaatcttt tgctttaatg tcttttttta aaatgtagaa tgttctaaac ttgaaaggca 960
attgaatgta gtatgatgaa aatgtgaatg ttttgctgct ttcatgacca aagatacagg1020
gctagtggac atttagaata ataattaaag ctagagtctt gtatgtcttt tctttgaagg1080
5 agttctaacc ttgtaaattg agaatgactt cagagaattt tgattaagaa aacattaaaa1140
tcttaaccgg cacaaacact ccaatttttt tcaactgtgaa gccgcaagca attttttttc1200
tttttctttc aaaagcctgc cttctgaatt tatttcttgt ttactcattt cagagagggt1260
agtaaagaag atctatttct ggtagtcata tcgcttgaaa ggtattggta aatgtgtttt1320
cagtcgtgac catgtggaaa gtgaacagtg ttggcaaaaca ttaccgagaa aatcatgctt1380
10 ttcaagatgc ccttgctttg ggatatecct cctagggaga aaaaaaaaaa gtagttaaac1440
aattgtgaat tccatttctt atttcagttt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat1500
aattcccgac atttatgttc tgttgtattc tccccttagc ccagtaacat ttttatctaa1560
taccocattc cccaagtttt gagacagatt gacccctac tcattatgtg gctctagttg1620
aattttaaaa tgtggaatat tgggcttgca ggcagtagga gctgcaaac tggtagagt1680
15 ggagtgtgga gttaatggtg agtatgttaa taaagggaac ctgtctctga cagaatctca1740
gtaatgttta ctaaaacatg tctttctaca gctggtagga taaatgatgc taccctgtag1800
ctcagctaca ggctgcagtg caaacttttc ttccatccag agaaagcaga attccctcct1860
agtaacctca ttacaaatac tgttactaga agggcatgtg ctgtctgtca ccttcagtaa1920
tatttgtgcc atctcttgat gactgatgac ctggatcgag tatttctatg aagggtcttc1980
20 ttaggccctt tacatacgca agaggggtgc tctagtgcga tagctgtagt tcacaggaag2040
gacaccagga gaagttatac ctagggtctac tgagcagctc atcatccctg tttctgcaca2100
gtttcctgaa actggccatc agggcctctg aggcactcaa atcagtttac ttttagcatg2160
cccccatcag ggtgggtctc actgttagtg aggatacggg tctggtttga tgtttttcta2220
ggcaaaatgc ttaagtgttc tggttatgcc attcattcat acgatgtgtg aaatttgctt2280
25 aaaagggaat tttcatgatt tgatttagat tagtatttaa atatctgctt tagatagcaa2340
ttaattttat tgtaaaaata aggaaaaata tgtgaatatg tgaatttttt aagcctgaga2400
gatgatagaa tgttcccata tttttcttgt aaagaaaata atattttaac ttacacatcc2460
tgtagaaaat accacctttt ccccttgtat tacagtacaa tgtttacatt actatactgt2520
caagctgaaa gtataaaaaa tgtacatata cattttgagt tatgtatcct ttttttaaaa2580
30 aaagggtgagg ggctgtggca ctgggctgga catgactaaa gttgacagag gctatgctag2640
atttataatc actagttctg ggacttg 2667

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 544 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

catctgtgca tggatgagtg gccgactttg gagcccaggc tgttacttcc tggctctgggtg 60
gtgaatcctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctgg120
cacacagtat gcactgagga aatacttggt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact180
taaccttgga attaatatg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg240
5 tgattagacc cccaagacac tgggctgtct gcttgtgtct cgggtggaac aggccagcg300
agagtcttta gggccagaac tcaaggaatt tattgagcca tggcaaacag gcagtaaaca360
gccattctg gctgctgtat tgagaagaga atgtgggtgga cagatataga agcatggaaa420
cctgataggg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgga cctgttgaag480
cagtagagtg ctttccaggg aggagaaagg acctgaaggt taatttgatc accatggggcc540
10 atga 544

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

gtttgatact ttctgcact taggtttgtc ctattcttca tttattcaga ctaggataga 60
aaattttgga atcagaaaat agatccagtg tttagctaca tacaatctag tacaagtga 120
tttttattct taaacatagg tgtgttggct ctttttttaa aagatgcgct ctacctgaaa 180
40 aggaaattgg attttagaac tggatgtggg gcagtgaagt attttaggcc cagggtctgtg 240
tacacatttt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tggttgcctt ttcatttcaa 300
ctgtgttttg aatttgtcag atcacacata tatttgttta ttgggcgctg tggatatctt 360
tataaaacct cttgcttgtg tgcaaaagtt cctaaaagga aacacaagta atgcctatcc 420
attactagca tgctatgctg catgctttac tgccattgct gtatgcttta ctgtctttgt 480
45 aaaaatcccc ctctcccctt ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttatat 540
tttcacccca taagtgcaga atcagtaatt ccttggtcta aagctcttat ataataaata 600
ttatttggtg taaataccaa gtttggatc tcatagctat ctttttttaa agaaattaag 660
ttcttgaaaa ttttagccaa tcccgtttta tgggaatgct ctttagaatt cattttgttc 720
agcccttttg ttctatggtt gagaaatctg aggccttacg aaggttaaga gaactttccc 780
50 cgtgtctcac aggtaggtag aggcagagct ggaactagat atctgggtctg ttgactctag 840
ctcagtgtct tctggtaact gttgaaaatt gtcttagttt gagagatggc tgaaataaatg 900
aacataaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat ttcttattgt aagactacta 960
ccggcttact gttgaatagt ttggttatag tgtttaggct agaaatgcct cccacattgg1020
taataaacat tacaaaatac aatgtatttt taggtaggca ttttataaaa tgcattatgc1080
55 catggttgct tttgagatag attgtagtct gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggctt1140
aactgttggt catatcagga gatgctctga ttgtataggt gagactctgt ttctgttatt1200
tttaattgct gtatgaaatg tgatcagatt attttactac caacagttat agtttgaaaag1260

```



tccaactgta ttaattgact gataatatga taatatagag attaaattgt ttgtcttcat1320  
tccttaaaaa aaaaaaaaaa 1340

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2376 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

30 ggatatgaat aaattgttaa tataaagtcc tacagaaatt aatttatgaa atttctctaa 60  
atcacacaaa acttaaatatc agatgactac taccctgaga ctgaaaaata tgttcttaatt 120  
tatagtgcata tttttgggca gttttgggtg cagaatacct atcaacacat tcttttttta 180  
ttaggaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaagtg ataaaaatcca ttagttttta 240  
agtctctctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcgtt tttaacggga 300  
taataatgct atgtctacat aaaatgattt ctaccacctt aaatagctca ctgtagaaat 360  
35 tcatgtataa atggaacat atagtacata catatcatatc tcttaggtct ggcaaatatt 420  
tgaggttcat ccatatttta tattcactca tcagtagttg taaacacatt cttaaagttag 480  
cattttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggtaaggga aatggttgag 540  
gctttcctaa gtgaagtgtg aaaaccacag ctttcttttt aatgggatgt ctaatatgca 600  
tttatctggt caagcatttt aagattttcca tgaaaatgtc ctgaaaaatc aagattcttc 660  
40 attgaggggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttgaat 720  
tagataacct actataatca tggatgttct tgaatactta gcaaacatac cagcatccca 780  
aagtcaccaa gataaacctt cctactccaa catcacatga tcttcttaatt ctacctgtaa 840  
aaataagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cacctagaaa 900  
aaaaaatagt tcattatgta gagaaatgct ttttttagta catagagaaa taaaaaatatc 960  
45 agatactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaacca1020  
tacaatattg aatgccgggc gcaggagatg ttttcaacat ctaaaaatcc taggagctta1080  
agggactaga atgaaaaaaa agaacctaga ttgagtaaga aagtatttca ttttggggtg1140  
ctttggcaaa aatgacaata caccatttct tttctttagt ttgaggttt aaactagagt1200  
atgtgccacg tgacaacctt aatcagcttg cgttgtcttt gtccaccttt ggtatgcagt1260  
50 ctgaatcttt aaatccgaaa accttacaata ttggaccgga aaacctttaa gcagtagggt1320  
aacttgagc tgatctttaa tttgctaate aactgacttg gaaataggat aattcatttt1380  
atgagctctt taaatgagtt tatttgggaa tatgcctatc attggaattg aaagcagcat1440  
agcttgcttc agtaactcca ataatttggg aagcagaaat ggaaaaagta atttgagtca1500  
tgtttgctta tgtagtgcct tttaaaattc ccctagtaat tacctttcat attttattaa1560  
55 ctaggttaac atcaactgtg gttgtaagag taaatgtttc accttaagat aaacatgggc1620  
aatatattaa actctagtct gtttcttgc ctgtgaagtg aggctgcact tgattatatt1680  
tgattctttg ttcgtaatac atgggaacga cagctaagtg tggtgaaaaa cgcggggatc1740

```

5   caaagagctg gatttttatt tcagatctgc cgctaacttt tgtatcctat aggctacttt1800
    tatttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttggtt taaatgactg aagttccttc1860
    aagtgtctaaa attctttttc tacagtcttc attggattta tgtatttctt attcctaata1920
    tgtttaactg ggatgtctgt cactctaggg cggcaagaca gacattttaa agtaacagtc1980
10  acaactgctga actggcattt ctgttaacac aaaagtttag aaaactcacg gtaactgtta2040
    cttgatttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgctt ttaaaaggaa ccactgtcca2100
    tttaaagggt tcatagttat cttcaatggg ttagtattgt ttggggcagg acattaaact2160
    agaagggtt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag2220
    attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat2280
10  gaagatatcc ccattgtatt ccggcccat gtttgccctt tttggctcca gcacgtgtt2340
    tggaaagggc caatgtgcc tgggtcccta ataaag . 2376

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

```

40  cagttgtgaa gttttgtaaa atggtcaccc aacttaaaac taggaaatta cgaagaagag 60
    aaaattgccc ggtatctgtt aaggtctgcc ttagatctg ctgtaggct tgccaccatt120
    ggaagcaagg tcctacttca gtggcagatc ttgtggcctt tgagtggctg aagaccacca180
    ccctgcacag ggctggggcc atgcacaggc atccttcctt acctt 225

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1967 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```
acgggaggcg cccgcgctcg caggccactc tctgctgtcg cccgtcccgc gcgctcctcc 60
15 gacccgctcc gctccgctcc gctcggcccc gcgcccgcgc tcaacatgat ccgctgcggc 120
ctggcctgcg agcgctgccg ctggatctcg cccctgctcc tactcagcgc catcgccctc 180
gacatcatcg cgctggccgg ccgcggtctg ttgcagtcta gcgaccacgg ccagacgtcc 240
tcgctgtggt ggaaatgtct ccaagaggcg ggcggcagcg ggtcctacga ggagggctgt 300
cagagcctca tggagtacgc gtggggtaga gcagcggtcg ccatgctctt ctgtggcttc 360
20 atcatcctgg tgatctgttt catcctctcc ttcttcgccc tctgtggacc ccagatgctt 420
gtcttcctga gagtgtattg aggtctcctt gccttggtcg ctgtgttcca gatcatctcc 480
ctggtaattt accccgtgaa gtacaccag accttcaccc ttcattgcaa ccgtgctgtc 540
acttacatct ataactgggc ctacggcttt ggggtggcag ccacgattat cctgatcggc 600
tgtgccttct tcttctgctg cctccccaac tacgaagatg accttctggg caatgccaag 660
25 cccaggtaact tctacacatc tgcctaactt gggaatgaat gtgggagaaa atcgctgctg 720
ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg actttgaacc cattttttgg 780
cagtgttcat attattaaac tagtcaaaaa tgctaaaaata atttgggaga aaatatTTTT 840
taagtagtgt tatagtttca tgtttatctt ttattatgtt ttgtgaagtt gtgtcttttc 900
actaattacc tatactatgc caatatttcc ttatatctat ccataacatt tatactacat 960
30 ttgtaagaga atatgcacgt gaaacttaac actttataag gtaaaaatga ggtttccaag1020
atttaataat ctgatcaagt tcttggtatt tccaaataga atggactcgg tctgttaagg1080
gctaaggaga agaggaagat aagggttaaaa gttgttaatg accaaacatt ctaaaagaaa1140
tgcaaaaaaa aagtttattt tcaagccttc gaactattta aggaaagcaa aatcattttcc1200
taaatgcata tcatttgtag gaatttctca ttaatatcct gaatcattca ttttagctaa1260
35 ggcttcctgt tgactcgata tgctcatctag gaaagtacta tttcatgggc caaacctgtt1320
gccatagttg gtaaggcttt cctttaagtg tgaaatatTT agatgaaatt ttctctttta1380
aagttcttta tagggttagg gtgtgggaaa atgctatatt aataaatctg tagtgttttg1440
tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaattttatc1500
atgactgata gtcttggtta agttgtgtag taaagcatta ggagggtcat tctgttcaca1560
40 aaagtgccac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg cttttctaaa tctcagggtt1620
atctgggctc tatcatatag acaggcttct gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac1680
atatagttaa aatcctggtc tttcttggtt aacagatttt aaatgtctga tataaaacat1740
gccacaggag aattcgggga tttgagtttc tctgaatagc atatatatga tgcacggat1800
aggtcattat gattttttac catttcgact tacataatga aaaccaattc attttaaata1860
45 tcagattatt attttgtaag ttgtggaaaa agctaattgt agttttcatt atgaagtttt1920
cccaataaac caggtattct aaacttgaaa aaaaaaaaag tcgacgc 1967
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

herg stellte partiell cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

15

```
cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgctca 60
ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
ctgactgagt gcctgacggg ggacccccctc agtgccagcg tctggaggca gctgtaccct180
aagcacctgt cacagtccag ccttctgctg gagcacttgc tcagctcctg ggagcagatt240
20 cccaagaagg tacagaagtc tttgcaagaa accattcagt ccctcaagct taccaaccag300
gagctgctga ggaagggtag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
aagggcctgt tgcagcaggt tcagggtcct cggtgcctt ggacgcggct cctcctgttg420
ctgctgggtc tgcgtgtagg cttcctgtgc catgacctcc ggtcacacag ctccctccag480
gcctccctta ctggccggtt gcttcgatca tctggcttct tacctgctag ccaacaagcg540
25 tgttccaagt ttactctac agtctgcaag gttacaggtt gggtggggga gaaatgccgt600
tttgggggtc ca 612
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```
tttcggcaca gcatgaatgg ctgcgagaag gacagctcgt ccacagattc tgctaacgaa 60
aaaccagccc ttatccctcg tgagaaaaag atctcgatac ttgaggaacc ttcaaaggca 120
```

```

cttcgtgggg tcacaggccc aaatattgag aaatcagtga aggatttgca acgctgcacc 180
gtttctctaa ctagatctcg cgtcatgatt aaggaagaag tggatagtcc cgtgaagaag 240
atcaaagctg cctttgctga attacacaac tgcatcattg acaaagaagt ttcattaatg 300
gcagaatagg ataaagttaa agaagaagcc atggaaatcc tgactgctcg tcagaagaaa 360
5 gcagaagaac taaagagact cactgacctt gccagtcaga tggcagagat gcagctggcc 420
gaactcaggg cagaaattaa gcactttgtc agcgagcgta aatatgacga ggagctcggg 480
aaagctgccc ggttttcctg tgacatcgaa cagctgaagg cccaatcat gctctgcgga 540
gaaattacac atccaaagaa caactattcc tcaagaactc cctgcagctc cctgctgcct 600
ctgctgaatg cgcacgcagc aacctctggg aaacagagta acttttcccg aaaatcatcc 660
10 actcacaata agccctctga aggcaaagcg gcaaacccca aaatggtgag cagtctcccc 720
agcacgcgag acccctctca ccagaccatg ccggccaaca agcagaatgg atcttctaac 780
caaagacgga gatttaatcc acagtatcat aacaacaggg taaatgggga tgccaagtgc 840
cagggcagtg ggaatgaagc cgagccactg ggaaggggca acagccgcca cgaacacaga 900
agacagccgc acaacggctt ccggcccaaa aacaaaggcg gtgccaacaaa tcaagaggct 960
15 tccttgggga tgaagacccc cgaggcccg gcccattctg aaaagcccg gcgaaggcag 1020
gcacgctgca ggacacctcg ggaggggcag gggcctttcc ggggttagtt ttcggttagg 1080
ggttttcaca gttgcatttt tttgccccca cgaggagta ggaagtttt ccacagatgg 1140
caggcatttt ttttgagttc ccggttttt gacgttttg ttg 1183

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 891 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
45 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgcccg gactccgctc agtttccgg 120
gcggcgaaac ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggt ttctagggtt gttacgaagc 180
tgccaggagc agatggagggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag 240
cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtcggggca 300
aatgggcttc ccaaactc ctactggttg gacctctggc ttttcatcct tttcgatgtg 360
50 gtgggtgttc tctttgtgta tttttgccca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa 420
gttgggtctt gagtgaattc tgaaaatggc taaaaacttc ttgaataaag aagacaggac 480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttctt ttcattttac actttgttac 540
taatttgtag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcttagcta agttcttaaa 600
attaaaccct ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg 660
55 aatataaaag catttgtact taaaggtctt gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct 720
tttaatgttt taagagttga tcaggggttt actatggatt gcaagtaata gggatgatta 780
ataaggggaa ggtttttatg gaatttcaaa agtcaattta tttcaaaagc gggggaaagg 840

```

gttttgagag gaggggggccc caaggtgttc ctgggggttg ccgagggagg c

891

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 482 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tctctaaata gtaccttttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcaccga 60  
gcggtttata attcattcag ttttccaggc caggcagccc gctatccttg gatggccttt120  
ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaaacc ccacctcaa tagtaatttc180  
ttggacttga atctccgcc acagcacaac acaggtctgg gagggatccc ttagcaggg240  
gaagaagagg tgaagggttc gaccatgccca ctgtcaacct cttccattc attacaacaa300  
ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360  
attagactct ggggtgcttg catgggcaac tggatttttg catgattcct ttatgatttt420  
gcttttaatg tatacaccca gaagagccaa tataaacgtt cctcatgcct aaaaaaaaaa480  
35 aa 482

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 610 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

10 ctcgagccgt gggcagtggc cggaatgcg cggagacact gaccttcagc gcctcggtc 60  
 cagcgccatg gcgccctcca ggaagtctt cgttgggga aactggaaga tgaacggcg 120  
 gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccaaagtgc cggccgacac 180  
 cgaggtggtt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc 240  
 caagattgct gtggctgctc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga 300  
 gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggctcctg ggcaactcaga 360  
 gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct 420  
 15 ggcagaggga ctcgagtaa tcgcctgcat tggggagaag cttagatgaa agggaagctg 480  
 gcatcactga gaaggttgtt ttcgagcaga cagagggtca tcgcagataa cgtgaaggac 540  
 tgtggcaagg tcgtcctggc ctatgagcct ttttttgggc catttggtgc ctggcaaggc 600  
 cttcaaacag 610

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2072 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

45 gggtcattga ggtacaacag caaccaagaa gatcgatgtc tacctgccct ctgcactcga 60  
 gccaggacag actgctgcc aatgacctgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120  
 tgatcgggct catctgctgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180  
 atgtcagtgc ctactgcctg catattgctg aggatgatgg ggaggtggac accgatttcc 240  
 ccccgctgga ttccaatgag cccattcata agtttggtt cagtactttg gcccctggtt 300  
 50 gaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtcac tctttgttcg aataaatgct 360  
 gctcatggat tctcccttat tcaggtggac aacacaaagg ttaccatgaa ggaaatctta 420  
 ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagttt caggccctca gtaccgctg 480  
 gagaagcaga gcgagcccaa tgcgcctgtt gacctggaca gcactttgga gagccagagc 540  
 gcatgggagt tctgcctggt ccgcgagaag agttcaagg cagacgggtt ttttgaggag 600  
 55 gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatattgctta gcagccacca ttacaagtca 660

```

ttcaaagtca gcatgatcca cagactgcga ttcacaaccg acgtacagct aggtatctct 720
ggagacaaag tagagataga cctgtttacg aatcagaaaag ccagcactaa gttttggatt 780
aagcagaaaac ccatctcaat cgattccgac ctgctctgtg cctgtgacct tgctgaagag 840
aaaagcccca gtacgcgaat atttaaactc acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900
5 ctctactttg aatcgggacgc tgctaccgtc aatgaaattg tgctcaaggt taactacatc 960
ctggaatcgc gagctagcac tgcccgggct gactactttg ctcaaaaaca aagaaaactg1020
aacagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat ccgggcagca gtgacactgg1080
cctccagcct caatctgttc cgtagctcag agcctgcctg ccagggccaa gtgccctaga1140
gcccaccogg tgtcctgaag tcctcggggg gaggccagcc cctggctcac tggcacaggg1200
10 cagggtgggt ctcggggaag gtgtcggggg ccccttagga gggagcgctg gggacattgc1260
catgggacgta aagtctgctt ggcagtggct ttgataagcg atgcttggg gtcagaccac1320
cccctagagg agccacgtgc cggccagcca ccttcaatgc ctgccaccct gcccgaggat1380
gtacagagcc gtgccacac atttccttgc aacttgatca aatttcttaa agcaaacaac1440
aaaaatgtac atttctgttt ttctttttaa taaacagggtg tactctttat catggttgg1500
15 atgatggacc attctttggg gcggaggatt gattatgtta ctctctttaa aatctgttcc1560
catattgaac aggcagattg gaaaagctat ggttcgattt ctcagaagaa atgttttag1620
cttagtcaat agttttaact atgccatttg tttaaatgag tgcatttgct tcgagggttag1680
tgtcttacta aaagttagga acagagacct agtgggtgtg ccaaggccgt gtcactttcc1740
ccttcagcac accccagctt ctgacctcag agcccaggag ctgcgtggac agtgtgggg1800
20 gccaggagga gggcggtgg ctggtcctca ggcaagctgc actcccagcc agacatgg1860
tttccgtttc ttaagtagca agttaggtt tcagctggca gttccacctg catgttctct1920
gcttcgctgc cttggaagg ggcacattcc ccattcctct tctccttaca gcgcctgc1980
cctttttaag caggcgaaa gctgctgtt ctcacgtttc agggagagg gtgaccagga2040
25 gactgtgtcg tgcgtcggtc ctgggtggac ag 2072

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

50 tttatggagt tagagcaggg gaacttaaaa acaaaaagtgt atttaataac ttcattgagac 60
tgtgataacc agtttatatt tgaaatatat acagcacttt gggagactga ggggtgacct120
tgatagtcct ttgcacagtg atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat180
tttgcttaac ttctctttta aggataactt tccatttgat cctccatttg ttcgagtgg1240
55 gttacctgtt ctctcaggag ggtatgtatt ggggtggagga gcattatgta tgggaacttct300
cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcacatgc aaataaatgc360
caccttagtc aaaggcaaag ccagagtgcg gtttgagca aataagaatc aatataatct420

```



```

agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta480
caccctcca aaggaagatg gctaaatatg ttgactgttg tatgtttgga ctaatgttgc540
tttaaagaaa atctttccaa catgcagaca aaagctttga gtgcccctat tacagcagta600
ccgaagatgt tagttaatag atatttttag ggataatctg tcatctgaca tccagtataa660
5 gttacagcct tcgcattttg ctcatttttag atatcttgga ctgagcagtg gggcctttac720
tgtatttttc ctgataaata cacatactgg ccactcctta tctctttttc ttgaaaagtg780
aactttttta aggcagccaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt840
aacttttccta tattgagccc atgggggttac aagggtttgg caatatattg ttccctttta900
cagccaatac aggttttaat cggatgtttc aatattgggt ttaggggatt ttaagggccc960
10 tcttaagtca taatagccct                                     980

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 792 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

```

ctgtttggca gggcggggcg cctcgcaag atgggtggcg gcgcggcgtg tggctcccg 60
cgtctggcca agtctcagcg cagcaaccg gccggcgctc cgttggcctg gagccacac120
ccaccgggtc cctgaccccg cgccccccgc gccgggttcc cggcatgcct cgcgccgta180
40 agggaaacac gctccggaag ggtggtcagc gccgtggagg agtgcccgg agcagtgcc240
aagctgactc gggttccagt gacgatgagg cagccagtga ggcccgcagc accgccagt300
aatgccccag cttctcagc accactgcag aggacagcct tgggggggat gtcgtggatg360
agcaagggcc agcaggaaga ccttgaggaa aagctgaagg agtatgtgga ctgtctcaca420
gacaagagtg ccaagaccg gcaggtgcct cttgagagcc tgcgcctggc cctagcgtcc480
45 cgccctactc ccgacttctt gctggagcgc cgccctcacg tagccgatgc cctggaaaag540
tgccctcaaga aagggaagg cgaggaacaa gccctggctg ctgctgtgct aggcctgctc600
tgcggtgcagc tgggccctgg acctaagggt gaggagctgt ttcacagcct gcagcctctg660
ctggtctctg tgctcagtga cagcacagct agccctgctg cccggtcca cgtgagttgc720
ctgtgcccga tgaaccctt cctgcaactt atccctcagc agagtgggtg gttcccccta780
50 tcttcagcct cc                                     792

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 1092 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

20  
 gtgggtcccc ccggttccgg cgcggttgag gccttcggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60  
 atgtctgggt tgtctggccc accagcccgg cgcggccctt ttccgttagc gttgctgctt 120  
 ttgttctctg tcggccccag attggtcctt gccatctcct tccatctgcc cattaactct 180  
 cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaag gacctgctag tgactggcgc gtacgagatc 240  
 25 tccgaccagt ctggggggcg tggcggcctg cgcagcacct caagatcaca gattctgctg 300  
 gccatatctt ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgccttt accactgaag 360  
 attatgacat gtttgaagtg tgttttgaga gcaaggggaa agggcgata cctgaccaac 420  
 tcgtgatcct agacatgaag catggagtgg aggcgaaaaa ttacgaagag attgcaaaag 480  
 ttgagaagct caaaccatta gaggtagagc tgcgacgcct agaagacctt tcagaatcta 540  
 30 ttgttaatga ttttgcctac atgaagaaga gagaagagga gatgcgtgat accaacgagt 600  
 caacaaacac tcgggtccta tacttcagca tcttttcaat gttctgtctc attggactag 660  
 ctacctggca ggtcttctac ctgcgacgct tcttcaaggc caagaaattg attgagtaat 720  
 gaatgaggca tattctctct ccaccttgta cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780  
 cctggcctaa ggcctctac caacagcacc atcaaggcac gttggagctt tcttgccaga 840  
 35 actgatctct tttggtgtgg gaggacatgg ggtaccacct acaccaaca agtcaatgag 900  
 ggacttcttt ttaatttggg aggattttga ctggttttgc aacaataggt ctattattag 960  
 agtcacctat gacaaaaaat aggggggttac ctagataatg ccaaagtcag catttgtccc1020  
 ggggtcccct gtgggagctg tgggacgatg ttttcttttc tgcccccttt ccggagcgtg1080  
 gggggccaaa ta 1092

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1523 Basenpaare  
 45 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

10

```
ctcatgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60
atgcaagaga tggaggttta cgtggagaac atccgcagaa gtttggggtt tttaattact 120
ctccatttag gacaccttac acaccaaca gccagtatca aatgctgtct gatccccacca 180
accccagcgc cggcactgcc aagatagaca agcaggagaa ggtcaagctc aactttgaca 240
tgacggcatc ccccaagatc ctgatgagca agcctgtgct gagtgggggc acaggccgcc 300
ggatttcctt gtcggatatg ccgcgctccc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360
gctccgacgt ggagcaggat gctgagaaga aggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420
aggagtccat ggacttccag ggataagagc acagcttcac cagccatcca ccaagacggg 480
acaagcaggg agtttatccg gcagcccaaa gcccttctct cctcaactgt cagctcctat 540
cagcagcaaa acggacaaaa cctccaccac cggcagcatc ctgaatctta acctggatcg 600
aagcaaaagt gagatggatt tgaaggagct gacgagtcg gtccagcaac agtccacccc 660
tggtctcttc atctctccca agcgcagatc tcgtagcagg ttccagctga atcttgacaa 720
gacctagag agttgcaaag cacaattagg cataaatgaa atctcggaag atgtctatac 780
ggccgtagag cacagcgatt cggaggattc tgagaagtca gatagtagcg atagttagta 840
tatcagtgat gatgagcaga agtctaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900
ttgtcagatg gacaaagagc catctgctgt taaaaaaaaaag cccaagccta caaacccagt 960
ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc1020
agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaaccttc1080
acctcacccc ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcca1140
tttgggctcg gactctgatt cagagagcga acttgtcata gatttaggag aagaccattc1200
tgggcgggag ggtcgaaaaa ataagaagga acccaaagaa ccatctccca aacaggatgt1260
tgtaggtaaa actccaccat ccacgacggg gggcagccat tctcccccg aaacacgggt1320
gtcaccgcgc tcttccgccc aaacttccgc ggctggcgcc acagccacca ccagcacgtc1380
ctccacggtc accgtcacgg ccccgccccc cgccgccaca ggaagcccag tgaaaaagca1440
gaggccgctt ttaccgaagg aggactgcc cggccgtgca gcgggtccgt gtggaactca1500
tcaagtaaaag tttcaaacgt cct 1523
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2241 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

5  
 cgccgcccaa gcgccagaag ccgagctggg aaaagggagg cagaggaggc ggaggcagag 60  
 gcagaggcag agcccggtgc cgagaccaag cgacagaccg gcggggctgg gcctcgcaaa 120  
 gccggtctcg cgagctctcc cgacaccgga gccggggagg aaaagcagcg actcctcgct 180  
 cgcatccccg ggagccgcac tccagactgg ccggttagtc aggggctcag gagcagatcc 240  
 10 cgaggcaggc ttgtctcagc ctccgacgag ggctggccct ttggaaggcg ccttcaacag 300  
 ccggaccaga cagggcacca tgaccgagaa ttccacgtcc gccctgctcg ccaagcccaa 360  
 gcgggccaag gcctccaaga agtccacaga ccaccccaag tattcagaca tgatcgtggc 420  
 tgccatccag gccgagaaga accgcgctgg ctccctcgcg cagtccattc agaagtatat 480  
 caagagccac tacaaggtgg gtgagaacgc tgactcgagc atcaagttgt ccatcaagcg 540  
 15 cctggtcacc accggtgtcc tcaagcagac caaagggtg ggggcctcg ggctctccg 600  
 gctagccaag agcgacgaac ccaagaagtc agtggccttc aagaagacca agaaggaat 660  
 caagaaggta gccacgcca aagaagcatc caagcccaag aaggctgcct ccaaagcccc 720  
 aaccaagaaa cccaaagcca ccccggtcaa gaaggccaag aagaagctgg ctgccacgcc 780  
 caagaaagcc aaaaaaccca agactgtcaa agccaagccg gtcaaggcat ccaagcccaa 840  
 20 aaaggccaaa ccagtgaaac ccaaagcaaa gtccagtgc aagaggccg gcaagaagaa 900  
 gtgacaatga agtcttttct tgcggacact cctcctgtc tctattttt tgtaaataat 960  
 tttctccttt tttctctctt gatgtctacc accacctttt gccccttct gttctgactt 1020  
 tataagagac aggatttggg ttcttcagaa attacagaat aattcatttt tcttaacca 1080  
 gttgtgcaag gacagcaaca accaatctaa tgatgagaat gtacttatat ttgttttgc 1140  
 25 tattaacctt cttacggggt tagggatttg cgggggggct tgtgtgttt gttggcttgt 1200  
 ttgcatgaa gtagatgtg ggtggggaga agacacaagg cagtttgttc tggctagatg 1260  
 agagggaacc caggaattgt gaggttagca ggaatatct tagggtgagt gagtttctc 1320  
 tgagttgggc acccgttgtg agagtttcag aacctttggc cagcaggaga gaggtggtg 1380  
 ggagcagcca gccggcaaa gaaggaggtg gaaaaaaacc gccaccgggc tgacttccac 1440  
 30 ctcccagtg tgagcagtg gggcccaaac ccagtttct tctcatttt gttagttgtc 1500  
 cctttcggcc tccctatttt cttaggggag gggagtgagg tccaagtga agctggatg 1560  
 gagaagccat agtttctccc agtcagctag gatgtagcca ttgggggatc ttgtggctt 1620  
 cagcaaatct tcttgttaaa ccggagtga aacttcagg gaagggtgg gagtcagcca 1680  
 agtgctcag tgtgccctgt tgaaacttag gtttttccac gcaatcgat gattgtgtcc 1740  
 35 taggaagact tttcttttcc tctggatttt tgttcctcct gtacaagagg tgtcttgc 1800  
 tggtttggg gggctgcggc cacttaaaac ctccgatct ctttttgagt cttttattat 1860  
 aagtagttgt agctgcggga gggggagggg gagtggcg gcagtggata gtaagactta 1920  
 ctgcagtcga tttgggattt gctaagtagt ttacagagc tagatctgtg tgcagtgtgt 1980  
 tgtttgtgta tatatacata tctagggcta gtacttagt tcacaccgg gagctgggag 2040  
 40 aaaaaacctg tacagttgtc tttctcttat ttttaataaa atagaaaaat cgcgcaactg 2100  
 cgcttcccc cccaccccc ttttttaaac aagtgttact tgtgccggga aaattttgct 2160  
 gtctttgtaa ttttaaaact ttaaaataaa ttggaaaagg gagaaactga aaaaaaaaaa 2220  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2241

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 631 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

tgacaatggc ttctttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtggaatcg aatcagaagt 60  
 ggtggctgga attccacgca ccgatcagta ctgggaaaag atctaattctg ccgtgggcct120  
 gtcgtgccag tcctgggggc gagatggggg tagaaatgca tgtgatgcgt taagtccacg180  
 15 taagatacaa gtttcagaca ggtcggaag gactggattg gccaaacatc agacctgtct240  
 tccaaggaga ccaagtcctg gctacatccc agcctgtggt tacagtgcag acaggccatg300  
 tgagccaccg ctgccagcac agagcgtcct tccccctccg tgatccatcc atctccagg360  
 agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gagttcctaa caggatgaaa gttcccccat420  
 cagttccccc agtacctcca agcaagtagc ttccacatt tgtcacagaa atcagaggag480  
 20 agatggtgtt gggagccctt tggagaacgc cagtctccca ggccccctgc atctatcgag540  
 ttgcaatgt caaacctctc tgatcttggt tcagatgatt cttaatagga gtttattttt600  
 cgggcagctg cgaatcaggg gggtaaccag g 631

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

ggggccggga ggtacttag ggccggggct ggcccaggct acggcggctg cagggtccg 60  
 gcaaccgctc cggcaacgcc aaccgctccg ctgcgcgcag gctgggctgc aggctctcgg120  
 ctgcagcgtt ggtggatctt aggatccggc ttccaacatg tggcagctct gggcctccct180  
 ctgctgcctg ctggtgttgg ccaatgcccg gagcaggccc tctttccatc cctgtcggga240  
 tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccgggc acaacttcta300  
 caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtgtgtacc ttcttggtg ggcccaagcc360

```

accccagaga gttatgttta ccgaggacct gaagctgcct gcaagcttcg atgcacggga420
acaatggcca cagtgtccca ccatcaaaga gatcagagac cagggtccct gtggctcctg480
ctgggccttc ggggctgtgg aagccatctc tgaccggatc tgcattccaca ccaatgcgca540
cgtcagcgtg gaggtgtcgg cggaggacct gctcacctgc tgtggcagca tgtgtgggga600
5 cggctgtaat ggtggctatc ctgctgaagc ttggaacttc tggacaagaa aaggcctggt660
ttctgggtggc ctctatgaat cccatgtagg gtgcagaccg tactccatcc ctccctgtga720
gcaccacgtc aacggctccc ggcccccatg cacgggggag ggagataccc ccaagtgtag780
caagatctgt gagcctgggt acagcccagc ctacaaacag gacaagcact acggatacaa840
ttctacagcg tctccaatag cgagaaggac atcatggccg agatctacaa aaacggcccc900
10 gtggagggag gttctctgtg tattcggact tctgcctaga gtcagggggt acaaaagtcc960
cggaatttg gggggccgccc                                     980

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

cacatgttcg gggaccgagt ggggtcaatc ttctgggtgct gcctctccag gtctcttcca 60
ggccgggtcat agacgtactc cctctgaggg cgaccgatgg ttagaagagg tgtctaagag 120
40 cgtccggggt cagcagcccc aggcctcagc tgctcctctg cagccagttc tccagcctcc 180
tccaccact gccatctccc agccagcatc acctttccaa gggaatgcat tcctcacctc 240
tcagcctgtg ccagtgggtg tgggtccagc cctgcaacca gcctttgtcc ctgcccagtc 300
ctatcctgtg gccaatggaa tgccctatcc agcccctaata gtgcctgtgg tgggcatcac 360
tccctcccag atggtggcca acgtatttgg cactgcaggc caccctcagg ctgcccattc 420
45 ccatcagtc cccagcctgg tcaggcagca gacattccct cactacgagg caagcagtc 480
taccaccagt ccttcttcta agcctcctgc tcagcacctc aacggttctg cagctttcaa 540
tgggtgtagat gatggcagggt tggcctcagc agacaggcat acagaggttc ctacaggcac 600
ctgcccagtg gatccttttg aagcccagtg ggctgcatta gaaaataagt ccaagcagcg 660
tactaatccc tcccctacca accctttctc cagtgaacta cagaagacgt ttgaaattga 720
50 actttaagca atcattatgg ctatgtatct tgtccatacc agacaggggag cagggggtag 780
cgggtcaaagg agcaaaacag actttgtctc ctgattagta ctcttttcac taatcccaaa 840
gggtcccaagg aacaagtcca ggcccagagt actgtgaggg gtgattttga aagacatggg 900
aaaaagcatt ctagagaaa agctgccttg caattaggct aaagaagtca aggaaatgtt 960
gctttctgta ctccctcttc ccttaccccc ttacaaatct ctggcaacag agaggcaaag1020
55 tatctgaaca agaattctata ttccaagcac atttactgaa atgtaaaaca caacaggaag1080
caaagcaatc tccctttgtt ttccaggcca ttcacctgcc tcctgtcagt agtggcctgt1140
attagagatc aagaagagtg gtttgtgctc aggctgggga acagagaggc acgctatgct1200

```

```

gccagaattc ccaggagggc atatcagcaa ctgcccagca gagctatatt ttgggggagag1260
agttgagctt ccatttttgag taacagaata aatattatat atatcaaaag ccaaaatctt1320
tatttttatg catttagaat attttaaata gttctcagat attaagaagt tgtatgagtt1380
gtaagtaatc ttgccaagg taaaggggct agttgtaaga aattgtacat aagattgatt1440
5  tatcattgat gcctactgaa ataaaaagag gaaaggctgg aagctgcaga caggatccct1500
agcttgtttt ctgtcagtc ttcatgtgaa gtagcacatt gcaacaacaa tcatgcttat1560
gaccaataca gtcactaggt tgtagttttt tttaaataaa ggaaaagcag tattgtcctg1620
gttttaaac tatgatggaa ttctaattgtc attattttaa tggaatcaat cgaaatatgc1680
tctatagaga atatatcttt tatatatgtc tgcagtttcc ttatgttaat cctttaacac1740
10 taaggtaaca tgacataatc ataccataga agggaacaca ggttaccata ttggtttgtal1800
atatgggtct tgggtgggtt tgttttatcc tttaaatttt gttcccatga gttttgtggg1860
gatggggatt ctggttttat tagctttgtg tgtgtcctct tccccaaac ccccttttgg1920
tgagaacatc cccttgacag ttgcagcctc ttgacctcgg ataacaataa gagagctcat1980
ctcattttta ctttgaacg ttggccttac aatcaaattg aagttatata tatttgtact2040
15 ctgaaaaatt tataatctgc tttaacaaaa ataaatgttc atggtagaaa aatttgcca2100
tgaagggtcg ttctttcccc ttctctttat tagtaaatga atttattttt cgttcttttg2160
gtcttactct ccattctact gctgctgtaa atccctagtt tagtgactag aaaaataccc2220
ttaagattca tattttca 2238

```

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 398 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

45 tgcagattgg ttggggcagc ccggggaggc tggctccgac acacgactga gtgtgcctac 60
actggtccca caggttttca gctgtggagt ttgggatctg agcttggagc ccatttgttt120
ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg180
agaccagaag tcaacaacag gaggtggag aggccgggtc tcacaatccg cttggctggg240
gagtcactg aggttcttgc atcctgaagc aaaccatgga gagctggtgg ggacttccct300
50 gttttgcgtt cctgtgtttt ctaatgcacg cccgaggtca aagagacttt gattttggca360
gatgcccttg atgacctga aaccaccaa gaagccaa 398

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

20  
ggcgggtggcg gaagtgggag cgggcctgga gtcttggcca taaagcctga ggcggcggca 60  
cggcggagatt ggcggcttgg agagctcggg agagttccct ggaaccagaa ctgggacctt 120  
ctcgtctctg tcctccgttt agtctcctcc tcggcgggag cctcgcgacg gcccggcccg 180  
gagcccccag cgcaggcccg cgtttgaagg atgacctcta ggaagaaagt gttgctgaag 240  
25 gttatcatcc tgggagattc tggagtcggg aagacatcac tcatgaacca gtatgtgaat 300  
aagaaattca gcaatcagta caaagccaca ataggagctg actttctgac caaggaggtg 360  
atggtggatg acaggctagt cacaatgcag atatgggaca cagcaggaca ggaacgggtc 420  
cagtctctcg gtgtggcctt ctacagaggt gcagactgct gcgttctggt atttgatgtg 480  
actgccccca acacattcaa aaccctagat agctggagag atgagtttct catccaggcc 540  
30 agtccccgag atcctgaaaa ctccccattt gttgtgttgg gaaacaagat tgacctcgaa 600  
aacagacaag tggccacaaa gcgggcacag gcctggtgct acagcaaaaa caacattccc 660  
tactttgaga ccagtgccaa ggaggccatc aacgtggagc aggcgttcca gacgattgca 720  
cggaatgcac ttaagcagga aacggagggtg gagctgtaca acgaatttcc tgaacctatc 780  
aaactggaca agaagaccg ggccaaggcc tcggcagaaa gctgcagttg ctgagggggc 840  
35 agtgagagtt gagcacagag tccttcacaa accaagaaca cagtaggcc ttcaacacaa 900  
ttccccctct ctcttccaaa caaaacatac attgatctct cacatccagc tgccaaaaga 960  
aaaccccatc aaacacagtt acacccacac tattctctca cacacacaca cacacggcac 1020  
acacacacac acaggtttgg acgttattca gattgcggcc tttgccgtgt tgggttcgtg 1080  
gggg 1084

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare  
45 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

10

```
taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgattttgta 60
gtaaatcgaag aacatgttta tgggaacagg gtgactcagc tctcctgggg aggatggatg 120
aggagttagc aggaagagag ggtaccaagt gaggggaaaag cagcagggtg ggtctggggc 180
atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatctttta ttcattgctt ttcacaggag 240
15 ctgaagtggg aatcagtaca tcgagaatcc acggccgggg accagtagga cttgaggggac 300
tgcttactac taagtggctg ctgacgaggga aggaccacgt ggtctcagat ttctcagagc 360
atggaagtgtt aaaaatatctt catgagaacc tccctattcc tcagagaaac accaactgaa 420
aagagccagg aaaacccggg aattttccaa aaggctctca cgtaaactt gtcttatctc 480
aggagagagc ccgctcttgt ctcccagttc ctggtagggg ctgcctgttg gaaagtgtac 540
20 ctgatgtctt ctgggctccg ttgggcaata gcaatcttgg ctgatgtgca cagtctggct 600
cccagctcac cctttttttt taaaagtaag aaaatagttg ctaccgatag ggactttgcc 660
aagtccaatt atcttctagg attgaaagggt gcattttccc cataaaaaag gcgaggaaaa 720
cccattggctg ctttgtgtca cctcagtgac ttacagtcct ccttgccatt tagttggtag 780
tagagccagt catccttaac aaatcttttc acattttatt tctttcacat gtagtcatct 840
25 tcaaaaagga aagattttgga atttttagaaa aggggcaact cttcttttta gcattctcat 900
cagaaagtca caaaaatcga tggaaatcatt tccactggga agattgacct tttgtattta 960
tttgtggggt aaattaataa gcattccaga tgcttgagc ttcttgcatc caggagatgc1020
tgtgttcccc gtgatgcagc tggaaaccaa gctgcagcag gagatgcaag tttcaggatg1080
ttccccactg agctggagga atatctacag cagtgtatgt tgaaattttt gtatgaattal140
30 ttttgtctgc ctaccctttt cctccaaaac aaaaattaga ggattatttt aatactttgg1200
attcttcccc cttttttgag aaataaagtt ttttatgaaa agccaaaaaa aaaaaaaaaa 1259
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1938 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggct gttgggggtgg cggtgacgac aggcagcaaa 60
agaccagctg gtcccagatt cgctgctgga gtgctggatg gagcctttct ctgccctctg 120
tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc ccccgggacc ccctggagcc 180
5 cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac ccccaggatg ttgctggaggc 240
tgctggagcg gccttgcaag ctggccctgc ttgtgggctc ccagctggct gtcattgatgt 300
acctgtcact ggggggcttc cgaagtctca gtgccctatt tggccgagat cagggaccga 360
catttgacta ttctcaccct cgtgatgtct acagtaacct cagtcacctg cctggggccc 420
caggggggtcc tccagctcct caaggtctgc cctactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
10 tgggtcctgt gtccgtgtcc tttagcccag tgccatcact gccagagatt gtggagcggg 540
atccccgggt agaaccaggg ggccgggtacc gccctgcagg ttgtgagccc cgctcccga 600
cagccatcat tgtgcctcat cgtgccggg agcaccacct gcgctgctg ctctaccacc 660
tgcacccctt cttgcagcgc cagcagcttg cttatggcat ctatgtcatc caccaggctg 720
gaaatggaac atttaacagg gcaaaactgt tgaacgttgg ggtgcgagag gccctgcgtg 780
15 atgaagagtg ggactgcctg ttcttgcaag atgtggacct cttgccagaa aatgaccaca 840
atctgtatgt gtgtgacccc cggggacccc gccatgttgc cgttgctatg aacaagttt 900
gatacagcct cccgtacccc cagtacttcg gaggagtctc agcacttact cctgaccagt 960
acctgaagat gaatggcttc cccaatgaat actggggctg ggggtggtag gatgacgaca 1020
ttgctaccag ggtgcgcctg gctgggatga agatctctcg gccccccaca tctgtaggac 1080
20 actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga ggaaaatccc cacagatttg 1140
acctcctggg ccgtaccccag aattcctgga cgcaagatgg gatgaactca ctgacatacc 1200
agttgctggc tcgagagctg gggcctcttt ataccaacat cacagcagac attgggactg 1260
accctcgggg tcctcgggct ccttctgggc cactgttacc acctgggttc tcccagcct 1320
tccgtcaaga gatgctgcaa cgcgggcccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgcc 1380
25 accacacagc cctccgaggt tcacactgac tcctccttcc tgtctacctt aatcatgaaa 1440
ccgaattcat ggggttgat tctccccacc ctcagctcct cactgttctc agagggatgt 1500
gagggaaactg aactctggtg ccgtgctagg gggtaggggc ctctccctca ctgctggact 1560
ggagctgggc tcctgtagac ctgaggggtc cctctctcta gggctcctg tagggcttat 1620
gactgtgaat ccttgatgtc atgattttat gtgacgattc ctaggagtcc ctgcccctag 1680
30 agtaggagca gggctggacc ccaagccctt cctcttcca tggagagaag agtgatctgg 1740
cttctcctcg gacctctgtg aatattttat ctatttatgg ttcccgga gttgtttgg 1800
gaaggaagcc cctcctggg cattttctgc ctatgtctga atagctccct cttctggtcc 1860
tggctcaggg ggctgggatt ttgatattat ttctaataaa ggactttgtc tcgcaaaaaa 1920
aaaaaaaaa aaaaaaaa 1938
35

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 40 (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

```

5   caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcac cattcccttc gacagcattt tectctgctt 60
   tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
   tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
   tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaacaa tgtattttct tcacctctgc 240
   tactcaagta gcatttactg tgtcttttgt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
   accctttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
10  aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttccctt 420
   tttgcattct cctccttccc ctctcttgta gccttttgac tttcattgga aattaggatg 480
   taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
   gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atatttttga acttccatgt gagggttttc 600
   agcattgata ttgtgtcatt ttctaaccag agatgaggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
15  ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
   ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaattaaa tagcttttgt gtcttacatt 780
   ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatatt ggttccattc 840
   tcacctatcc acacaacata tccgtatata tcccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
   aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tctctctca cacacagact 960
20  catattactg gtaggaactt gagaacttta ttccaagt gttcaaacat ttaccaatca 1020
   tattaatata atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
   tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgctc catggccgtg tagaagcatg 1140
   gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
   tgagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgtct 1260
25  tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattcctt ccaggtattt 1320
   tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt taccctattt 1380
   agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
   agctggggag tggggaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
   tgagggaaaa gggagggaaa aggaagtatt gggaatacct gtggtggttg tgatccctag 1560
30  gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggatttc ccattcccctg tgggaaatta 1620
   gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaacg 1680
   aaacccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gtttaagttt tcccttcac 1740
   tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
   tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
35  tcaaaaaaaa aaat

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

```

40  (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
   (B) TYP: Protein
   (C) STRANG: einzel
   (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

45  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

```

```

   (iii) HYPOTHETISCH: ja

```

```

50  (vi) HERKUNFT:
   (A) ORGANISMUS: MENSCH

```

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

```

55  RDIWTMNLQR YWGEIPISSS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60
   PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIAATAQ QNQQTGEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL120
   LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEP VTELSWHSR QLLYQSGGTN PGQRRAFDCA180
   NESVLEDPNL MLAHEYWP

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

20 IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRG GSWTSTRRNS RGSKSKEALL VWLDDIGISP60  
QYLRCFIVHM SLQVQQTFIK CQAFCVGQRL IM 92

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 25 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 DPCPERSTKN RHGAQGMPKS LQGFPRSRSA GAGANHRVLR SPDVQGSRKT GRSGPEPRQG60  
GTTLFTAASQ SGLGGCLDLE RPEARIASDP ESWFVD 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

10 EGRVQQGSFV NVQQGPQEPF IEFIHQLTQA IKSTHGTSTI PRVSRITLKD KP 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

15 (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

30 PSRTSHSGTL PIPRLKICFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFTL NFLNLDN 47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

50 LSKFKKLRVN NTCASSVVGS LFIFPLFLKH IFKRGMGVNP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60  
ALNCLG 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

REGEGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL PPSSSESWE CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60  
AQHSACVPFC SGSLSPPPSQ PQLSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120  
VHFSHWGMEC PCILCCRSPH LHLRGLGSPS SPQCPQSL SQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180  
20 TWVASCP 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

25

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPWCWGLDP TTPAHLAEHL VPEDCLPLL LHLQLPPLL 60  
TFHTLQDCVC SGSPEGCSSC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSQQRVHQH QEGHVEQQGT120  
45 HHGQVDDNDD LDGGGLRSSY LHSRSRQ 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

10 FFFFWREIK QFNDGFLLDH TTLRQEDKIF SPCTGTTKFR DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60  
SCSNRPSSGSV TVDTGERRDC PDPSSAGEGT GSRVCMGTPC PSARSAQGTA NTSFQCTLKT120  
QWAQGAQLSH QSCPQGSWG WG 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

15

(A) LÄNGE: 464 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

35

RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60  
GCSVTLLFLFP SQYVDVASLG LVPQLTGGTL YKYNMFQMHLL DRQQFLNDLR NDIEKKIGFD120  
AIMRVRTSTG FRATDFFGGI LMNNTDDEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDSGALIQA180  
VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINF FAKSAFKAVL HQPLKVIREI240  
LVNQTAHMLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTDERAY300  
QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPIHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEEGI FLLANGLHMF360  
LWLGVSSPPE LIQGIENVPS FAHINTDML LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QKRPYSMKLT420  
IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

5 TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLAQP QMMGVTDVGE VEVPLLDGFL 60  
VNYQESQSVI HNLLDQIPDM FADSNENETV FAPVIQAGME ALKAADCPGK LFIFHSSLPT120  
AEAPGKLKNR DDKKLVNTDK EKILFQPQTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

10

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

GSTVFTEFVI VLELHGHC LV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCAGT NPHNSIKAYF 60  
LFNIISEVVQ KLLSIQVHLE IVVFVKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEEE CHRAAGEPRS120  
PWPMSHRHLF GAGKVSSLCL Y 141

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 504 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

50 LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHDKMVAAAT 60  
GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FFVGNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120  
VQPITSYDAA GSFLLGCGNN GSIYYVDVQK FPLRMKDNDL LVSELYRDP A EDGVTALSVY180  
LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGVRVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240  
ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGGCSA GNDIGPYGER300  
DDQQVFIQKV VPSASQLFVR LSSTGQRVCS VRSVDGSPTT AFTVLECEGS RRLGSRPRRY360



LLTGQANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELMEQLE HCELAPPAPS APSWGCLPSP420  
SPRISLTSLSH SASSNTSLSG HRGSPSPQA EARRRGGSF VERCQELVRS GPDLRPPPTP480  
APWPSSGLGT PLTPPKMKLN ETSF 504

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

25 GQPARPGAMA AAATAAEGVP SRGPPGEVIH LNVGGKREST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60  
ISTLKDETGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRQL120  
REELDRSSCG NVLFNGYLPP PVFPVKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPPNLGNAG180  
LLGRMLDEKT PPSPSGQPEE PGMVRLVCGH HNWIAYATQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240  
RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVMTRWWQQ PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

VPQDQGIPIRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGGRRRSG PLRTSSWQRS 60  
TKLPPPRRRR SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREMRG EGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120  
50 CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMVVRSHM AKLPLAWPVS R 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

QLWGFAAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEKVDK DAELVAQWNY CTLSQEILRR 60  
PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSDN PAWEGDKGNT120  
KGDHDDLQR ARFICPVVGL EMNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKAEV CHTCGAAFQE180  
DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQQS LFQNMMSVKK PQGHQKLRQG240  
20 SLKKPALILE RRKPTWLPKA QQ 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAESELEKK TKKPKAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60  
EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSSGKAG KPPCGATKRS IADSESEAY KSLFTTHSSA120  
KRSKEESAHW VTHTSYCF 138

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

50 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

10 HLVLKQTLLP WVSLSFSPIR SQPSLLHPCL QHVHILLGAI EHDDIILLEG SPTRVANFRF 60  
YLFQGSRLRKH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFVSF IPFGRIIRK120  
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCRFVQEFN DGIFVIKSAK FTGNYWSS 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

15 (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

30 HQWHITAMGS QHSAAARPSS CRRKQEDDRD GLLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60  
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRLRPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120  
DDDGIKVVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKIR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180  
35 MGGPFSYVYF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CGGNSTAI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVH QDLRYRAEEV HIGKRSSH LG LPGKIHHC VH VLNL AQAGH CHRVEVGVPD60  
FQGGHDGENY KGVLLIKCDF HHFDAVIIHK D 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

5

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEE NHQT RCQETKQD GQ EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60  
DAISPGEFHI WELSN GFFLL SFSQQTVPVI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMP LVSCPA120  
SSVGGAARTQ RAG 133

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAPE GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60  
45 WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DTDTCYRVE EPETLVELQR NEWDPPIEWA EKRYGVEISS 60  
STSIMGPSIP AKTREVLSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120  
LSRLEEEYQI QKWGNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

CLGLLHPVAD GVGQVKLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60  
CTCQGL 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SWRETEIKEQ LTEHLCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60  
VESRRPVVRL ERPFQPAEES VTLEFAKENR KCQEQAQVSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120  
QEGNDISAAL AT 132

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- 10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

25 QILMSHSPPQ AEMASLNEPL VSLILLVVRV AISRPPQAP KSLHRLHLV VASTPPTSWP60  
FGAHFAV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 30 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

45 NGLSKRTTGL LDSTSCSCSN LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSSNFLAFR SSFCCMIVQR60  
CSVSCSFISV SRHE 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

15 GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60  
VNQTSETASL QGQSPSTDEL ERDSEMQRP 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

20 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

35 GPLHFRIPLK LICTWTTLTK RGGFRSLIHR GDRTYLGHPM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60  
LKERHGENFR VRAR 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPSQA HLYLSDPEA RREFKSDSPR GQDLFGASDG SEKRREPKCK IFSRCRRNPS60  
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

PSPAVLGDQP PSASGAVHRK LSLEVCCCQE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60  
MLSSAAVWLG SRRLTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 495 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

SRTNTPVETW KGSKGKQSYT YIIIENTTTS FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60  
NVMNGVASYC RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120  
VPCGPGTKNN KIHSLCYNDC TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH180  
FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240  
PVSLADRLIG VTTDMTLDGI TSPAELFHLE SLGIPDVIFF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300  
RCSPQKTVPK SLLLPGTCSG GTCDGCNHFH LWESAAACPL CSVADYHAIV SSCVAGIQKT360  
TYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE420  
YKYSKLVNNA TLKDCDLPAF DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGF480  
SVPLKTSSGG PDMDL 495



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 5 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

20 GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RMSGPPEDV FSGTESNPSG 60  
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFITS LEYLYSSF 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

40 RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNRNAC QRGLFEKRVF SEPVLSVQEK GVLLKRKLSL 60  
LEQDVIVNED GRNKLKKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPPELI DVSDFECSLC MRLFFEPVTT120  
PCGHSFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEGINSEV SA 172

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- 45 (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

10 QIGGTVSHSC WKELIVKYLP DELSERKKIY DEETAELSHL TKNVPIFVCT MAYPTVPCPL 60  
HVFEPYRLM IRRSIQTGTK QFGMCVSDTQ NSFADYGCML QIRNVHFLPD GRSVVDTVGG120  
KRFRVLKRG M KDG YCTADIE YLEDVKVENE DEIKNLRELH DLVYSQACSW FQNLDRFRS180  
QILQHFGSMP ERRENQAAP NGPAWCWLL AVLPVDPRYQ LSVLSMKSLK ERLTKIQHIL240  
TYFSRDQF 248

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

35 HSTSYLLDTL LSFLCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSCR ENTRNLRHRL 60  
ILLEYHHKLR KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHPV LKE TFFSAEHLF LELTEQV LRA120  
LFFQTVLSGR HFC 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60  
EEPEPLSPPEL EYIPRKRKGN PMKAVGLAWA IGFPKGILLF ILTKREVVDKD RVKQMKARQN120  
MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSGV QT 152

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60  
25 RRIPQGGKPM QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRSGGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGGQRSS GLHPRPNIRG RGTLLGGSPPEP 60  
45 LALILARVGQ PHVLPSLHLL HTVLVHFPLG EDEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGVLAFLSGN120  
VFQLRG 126

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEEFS FHSNKDRFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHHS HTRTHMHMT60  
RACTHGHMHT HTHT 74

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

ILISFKQRQI CAFTQAECSH EYSAPAYIQH CTHDSFQAH TQSHTHTHH AHTRVHTRTH60  
AHTAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

VCPCVHVCTC VHVCMCLRV R VCVHVSVCAR ACVHVCVCAC VTVCVLG GGN HAYIFVCMQG60  
LNIHG HILLE 70

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

TVKFLRRLKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTFCFYQEFF60  
FCSKTLVMGI F 71  
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

45 YLNLQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTEPV 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLTSIC FSLLRKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS

37

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFGISLFII YFHDLSAKLL IFCRKKV

37

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNFWLHHKA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60

TSTISHVATF TSMPHKCLSE SPNSAFFQNK PNAIKQKKKK

100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

5

- (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60  
NIWNINLQLR PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120  
MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPQSILA AAEKAGMSAE180  
25 QAQGLLEKIA TPKVKNQLKE TTEAACRYGA FGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHLL240  
GEKWMGPIPP AVNARL 256

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

30

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNN MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVSLSW 60  
FFTFGVAIFS RSPWACSADI PAFSAAARML CGSVMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSKF120  
TAVRKRMAK LPFSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGSRP GGLFPLSFM180  
50 PVMRLGRNCR LMFQIF 196

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DDKTNIKTVC TYWEDFHSCT VTALTDCEG 60  
AKDMWDKLRK ESKNLNIQGS LFELCGSGNG AAGSLLPAFP VLLVSLSAAL ATWLSF 116

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

40 KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPQAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60  
AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFLDSFL SLSHISFAPS WQSVRAVTVQ120  
LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLHRE180  
DQ 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- 45 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

HLANKTQEIK RNKKENQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGRAGGA 60  
GPTLRRKARS LKLPRETPGA FGTPGAGTPP PRCRCRRVRI SCLGC 105

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDDEM TRIIWELIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60  
RDATNDQVTK DAAEAIAKHN VGVKCATITP DEKRVEEFKL QMWKSPNGT IRNILGGTVF120  
REAIICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDQ YRATDFVVPD PGKVEITYTP SDGTQKVITYL180  
VHNFEEGGGV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALSKGWPLY LSTKNITLKK YDGRFKDIFQ240  
EIYDKQYKSQ FEAQKIWEH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSVAGYGS300  
GMMTSVLVCP DGKTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHLAKLDN360  
35 NKELAFFANA LEEVSIETIE AGFMTKDLAA CIKGLPNVQR SDYLNTEFEFM DKLGENLKI420  
LAQAKL 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLWSRQK WKQWDWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPLLL60  
LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

LILIIHPHGN TTTFFKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSVL IPISMTTYDD60  
25 RFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 410 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

45 TDQPNIQSVK IHSPLPLRNP KGCECPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60  
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPKGT V SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTS PNK120  
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFAQDVE GSTSPQIGDK VEFISDKQR PGQQVATCVR180  
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVSLEL GDMVEYSLSK240  
GKGNKVS AEK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300  
50 GEVYPFGIVG MANKGDCLQK GESVKFQLCV LGQNAQT MAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360  
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60  
LPFLQAIPFV GHPNDKAWID LTFHIALLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120  
LSNAIH 126

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60  
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

ATMRLSVCLL MVSLALCCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNLOQVAK LNPPPEALAA60  
KLEVKHCTDQ ISFKKRLLI 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTWISEA TAGQTRAWAW 50

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPPRT FSNEKPFLKR YLIGAVLHFQ LGCKSEWRWI60  
KFGNLEVYRS VT 72

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLTL SLD

53

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTKR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60  
IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GWSWANKSDL LHIKQVDPQL120  
G 121

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

GPLPALAAGS TFPVLACSSA MAPKGSSKQQ SEEDLLLQDF SRNLSAKSSA LFFGNAFIVS 60  
APIWLYWRI WHMDLIQSAV LYSVMTLVST YLVAFAYKNV KFLVKKHVAQ KREDAVSKEV120  
10 TRKLSEADNR KMSRKEKDER ILWKKNEVAD YEATTFSIFY NNTLFLVVVI VASFFILKNF180  
NPTVNYILSI SASSGLIALL STGSK 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

VLHQDSSPSC LLAPNRPQQL HPLALCLWVA CGIWKSSRVV RVGDTRCFYS LEPLKNPAEC 60  
NSVFVYWLFF DRLLKLNELK GKLRVLGRLL KGKKCLAMCC NHKRRK 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

STYQYVVC GVEVLQYEEG SNNDHDQEQS VVIEDGKCCS FIISNFILLP QDSFIFLLPR 60  
HLSIISFRKF SSHFFGNSIL PLLCYFVLEN KFHILVCKGY QICAY 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTQDN LDLANVNLML 60  
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120  
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180  
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240  
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVYDYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300  
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360  
TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420  
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480  
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDT VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540  
GTIKVLELV 549

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60  
SSCFFECTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Prot in

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

FPSSLLFFFF FFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVSLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60  
GIPNVPKVIK EGKEKKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

KKMVRLGLFS CLLAIYSLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60  
IPCGLGEHVT RPGLLSPTAS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5 LKKGKWAKAI HNRKCKWPRN MKRCSSSLIF KEKKEILPTR LAKIFKDSGL ADYRQTGILT60  
NDGVVNW 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 10 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

25 SPEVGQALGT AGSRASRKMT SELSSLSISA SIRVSPQTDs LHMAQIQAYM VLGSWDLHKA60  
FFPVVPAEVL LRAFLSLA 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 30 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

45 QAGKRALYKH TQTNTSGDGC VLLEQRLIKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60  
ITTKSWQLLK EKGLCRCSN LSVNSCQPPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60  
ISSGKEQEEM KKQNDQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120  
RTTEDIIRSV KVEREERAAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180  
AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRKSL 216

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

40 FCFFISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFKCW CFSLSSSIFR RFCEISSCIF LLSVMAWSLP 60  
FTSSASSILE VKDSQTKQV QSYHKRSLL GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 339 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

SSQLRRRLVP APAAPRPRPN HGVLRGRLRG DRWQSHWAK WAMLFASGGF QVKLYDIEQQ 60  
QIRNALENIR KEMKLEQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAMH IQECVPEDLE120  
LKKKIFAQLD SIIDRVILS SSTSCLMPSK LFAGLVHVQK CIVAHVPNPP YYIPLVELVP180  
10 HPETAPTTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRLQY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240  
DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGIK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300  
NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

15 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTTITG CQIILKCNQA EKEKVKISRL SAQVAGNRQP 60  
RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHPTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

LNIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPSDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTKPA60  
TSFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGAVSGW GTSSTSGM 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 5 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

20 TMFFTCGPNE AMVVS GFCS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLTIN VKSEKVYTRH 60  
GVPISVTGIA QVKLSEPFPH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFPGTTPR120  
HLPPPPFFP 129

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- 25 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

40 DGDPMASVNL FTLDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAEFG DHHGLIWATS 60  
EKHGSGWSFR DAGGSPAGVS GRAGSRRDLG AGQGFLADQL SWELAPSRVP HPAAPRCC 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- 50 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

10 WPSGGPLTSP GQCGQSQPPS SPATSDRRPP TSPCSAPGFL PVARVGVGKV WWGSHEVRGK 60  
AEREGRALSE MLLPFQGKKG GGGKCLGVPG KDTSRGTSI QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

15 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

30 GRRTLFLATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHSYR LGLASQSTLC60  
PACHCCKELL LCQPKQRKYG FSCIIFPGW FVF 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

NLIYPNSSMY SDFSEKARI IGAVLSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEIH IYSTPHWTLQ60  
NACIFCPSAI CSLPFCLLKE LSNIVFPKMF STGH 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

20 GHMHILDRF CTAQLEWVPV TWTGVQYTIC VQYRKPSAV ARELYSNSLS AQANQVRKTA60  
IWLEDFQETA VPVRGRYYLR GGRGTDIKQE GF 92

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 25 (A) LÄNGE: 458 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

40 RGKRRRHRLP ALPPRLSPS AATMSASAVF ILDVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60  
VHGEEEGALA PLLSHGQVHF LWIKHSNLYL VATTSKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120  
LEESIRDNF VIVYELLDL MDGFGPQTTD SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180  
45 SWRSEGIKYK KNEVFIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLKVFLSGM PELRLGLNDR240  
VLFELTGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNDRTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300  
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKKQSV NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGSAKYVPE360  
RNVVIWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEVEGRPPIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420  
50 IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFRYQLG RGEEMGGF 458

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

15

LVTKVGNRPL WVNVAKPQGR ALVTTFLNDL HVSDLDPRDG EVGDLKLDPD GGPALHLFLF 60  
HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHDVSLR HILGAAHTGL ESGGVIAGY RHRYLHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

20

- (A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

35

GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDILIL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60  
GESASLGTGT DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRLENFNS MTDSIQISGL TWVLRDYDMS120  
SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDLFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180  
40 NTLSLMVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240  
SSLLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

45

- (A) LÄNGE: 275 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

MNTRLQVEHP VTEMITGTDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60  
MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGDE VSVHYDPMIA KWVWVAADRQ AALTKLRYSL120  
10 RQYNIVGLPT NIDFLNLNSG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLLSRKAAAK ESLCQAALGL180  
ILKEKAMTDT FTLQAHDQFS PFSSSSGRRL NISYTRNMTL KDGKNNVAIA VTYNHDGSYS240  
MQIEDKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYLS SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFVKAGDKV 60  
KAGDSLMMVI AMKMEHTIKS PKDGTVKKVF YREGAQANRH TPLVEFEFEEEE SDKRESE 117

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYGY IVFTIFKSHV 60  
SGIRDIOQSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLEDETQG CLA 103



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 5 (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

20 ADKMFLPLP AAGRVVVRRL AVRRFGSRSL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60  
NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSVV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120  
KENIRAATAA GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AQAAAEAGVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180  
YGSGDQEAQW KGVLFASGQE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

LPILKIFSNN FGKIWLASIS IGWRLPSNWR AQVLAQKQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60  
SFFALGHRIH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESA CTPLOQQQL 108

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

10 CFLCLHASFP VRRFQLPFCR GQLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KLSAFQLT160  
YQNSLLHL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

15 (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35 QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180  
LLFSLWL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60  
RLPGARAGPS QEVLPF 76

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

TGLCNISLS ACTSSLKVAD MRKALLKSGG KVTRGRLEL FFKAKGKKEG QLRPPPKAPG 60  
25 SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

CHARLNTDSS RLAMKLLMVL MLAALLLHCY ADGCKLLED MVEKTINSDI SIPEYKELLQ 60  
45 EFIDSDAAAE AMGKFKQCFL NQSHRTLKNF GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

LVEETLLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAAR ICIAVQEEGR60  
QHEDHQQLHG EAAAVCVQSC VA 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

LLFILHQMLS YTVCIISPKE FRVLCDWLRK HCLNFPPIASA AASLSMNS 48

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

QAVGEKLSSR DSDLMEDRCF PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVES 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- 5 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

20 IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLQP SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

40 WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTF LGEKEKWGKQ RSSIRSESL60  
ESFSPTA 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- 45 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSMYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCTRTHTHS60  
LSTR 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPAKNR EVAGLKTLNV TFQFLKHHCY LLKVVGLCIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60  
ARAHATHTH SQLV 74

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTLFDYNEE MKMGGYLKIG IPSALKVSKL LTCEQHRTPL LWSSFQLRML60  
QFSKSIYYS 69

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 236 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVYDN RVSVAARMAQ 60  
KMSFGFYKYS NMEFVRMKGP QGKGHAEMAV SRVSTGDTAP CGTEEDSSPA SPMHERVTSF120  
SRPPTPERNN RPAFFSPSLK RKVPRNRIAE MKKSHSANDS EEEFFREDDGG ADLHNATNLR180  
SRSLSGTGRS LVGSWLKLNK ADGNFLLYAH LTYVTLPPLHR ILTDILEVRQ KPILMT 236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCNPQA VSVPVGHRTV PGRVLAEAEQ SRWKLPSTCT 60  
LNLRHVAAAS DFNHRPGSSA EAHPPDLAAC GACAEPKPGP ALGVLPSAYL STATGVCDGT120  
PVLEPQPGEA TRLPKPGPTA RTPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

10 VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGCIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60  
LSDPVPGHLP LEGWGEEGRP VVPFWGGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLFSP T GGCVTCTHSA120  
DRHLGVALAL GALHAHKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLLERLV ADGALKDDPL180  
15 ERVGFVTSHQ LHTDHLSTFT VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

35 YPQDPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEEAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60  
EFLCMRHISS CLYAEVFFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPHVWG120  
GRRHPGTEGS LQR 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

40 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

5 RLPSVPGCLR PPQTCGRCPP PPCLGARSPP TALAHVDVHGL GPLSPVHQPI ERMKGTSAYR60  
HDEICLMHKN S 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

25 RGLQHTDMMK YASCIKIHDN MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHS GPT QERFSPQDTA60  
PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PLLLTVDAAAT HSMQH 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- 30 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

45 QKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLVLHNNF LSLSSLLRNE VTD SGIVGPQ PIDFVPNALR 60  
HAVDGRQEEI PVI AASEDR LGGAIAAINS IQHNTRSNVI FYIVTLNNTA DHLRSWLNSD120  
SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDDV180  
50 ICGRWDFLPF TLQQ 194

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RFHGFPLVRI LLYFSFQKFR VKIDNEVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVENHIGASV 60  
VLNAVYSCNG PPKPVFRCSD DHRNLLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

NLAKVKGFMD SPWSGSSFTF PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRWSA VLLRVTM 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

5 LPAATNRLKR GKGSSSTGSSS GNHGGSGGGN GHKPGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGV 60  
SNMREISKEG NRLLGGSGDN YRGQSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDTFWKNF120  
KSKLGFINWD AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTF FLNWKAIEG ADASSLQKRA180  
10 GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GESHLLPRLP GCNLGLLAVG 230

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

30 TRTSRPPAP EPSSTSADSG RISNRTLLSS TGKQLLRVRT RHHCRNVQAE PSQNYNYNQH 60  
AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFPGA TWACLQLGEV LVRQFLATNH RRPRKKHWVR120  
QGKLLPPLGP PALWQAPGPG L 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

35 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

50 RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEEVEEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETQ LGFKILPESV 60  
KVKHPRRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120  
ALNPRFPAPA GFIPWLFTPG FMSISSAAPT VVAGGGAGAG SLPPL 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

20 ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTEIGW WKLTFLRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60  
EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH VKVSNSGRFK EKKKVRLATLA ENPNLFDDHEI20  
EGRSSK 126

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 25 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

YVLNTIIVGK GEEKIPHPLP RFGPCSFPLR VCDLPSAKVM AKTGTRNPY HQSSLLQHPN 60  
RVPGSSVPSA PEGKVPGSLL PVLGGELKFS VSASGSTETS PYHVASGKCA LLRIGPGSSH120  
R 121

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

10

TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNSHFLPAG INWPHSFSYG QRGQRGKVL60  
QIWL MAGSQE VLAPSSALHF DDRPSS 86

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

GSGSPAPRKL HDFALCSAPL CPLFPRETSR SHIFLTDFEA VCLHSDWEHW DHFHHADSGG60  
NGCIPFHDPT CVY 73

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

FVAMCSKQAS LNHGILLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRRHDENDP SVPNQNNANRQ 60  
LQNQSRKCGI WKSLLERGGR GELSRGRNRA VYAE LGTPSL RARGGR 106

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

VLRWYSSDPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSEFKISQE NVGSGSLSWK60  
EGAEGS 66  
25

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGRS TQSRSRRRRAA HSRCCVAFPS SFTPRSRRRP 60  
45 KRRRRRREND PAASSLPAPH LPCSVSQSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLLQ REGRGLPRGG VRLVLTAAE PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGGQ 60  
SGGDGGARTT RRPVLFLLRT CPARSVSRRP APGLCSDLAL AAPRPSGRS 109

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAATAAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL QQSVGGRRPA 60  
CAQTSRLRRP GPAAVASVWP ENLGAPAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120  
35 WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

40 (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEETPGP GRRLLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMLGGRV LLVLMFMTLL 60  
HFDASFFSIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTLLVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120  
5 FLKYDFFQTM SVIGGLLLVV ALGPGGVSM D EKKKEW 156

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

25 LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSNGSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60  
SLGKGTDLVR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 30 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

45 SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60  
PRSLVVPYDS PHQMTLAKSR FLCGQGWLAD WWKVGWTKGG HVSSQHQFCT SSASVLVGV120  
VSPGPGWARA 130

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

- 50 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

15 GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60  
LQGFQILCDL HDGFSGVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLLNTA120  
FGLVHLTAHS SLVCPLSLGG SLGLRPEPPV SFPYLHYDAT LPFHCSAILA TALDVTVPY180  
RLCSPVSMV HLA DMLSFCG KKVVTAGAI PFPLAPGQSL PDSLMQFGGA TPWTPLCACG240  
EPGTRCFAQ SVVLRGYRQS MPHKPQT 267

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

40 QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDDRCF S GPPHDGRDQV AGPRLLFPAL 60  
NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRNAA CPPALPGTWV PLGHFFLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHHLF PTEAQHVSQM 60  
NHGNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQGGADKR120  
10 AVSSQVHETK SCV 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

15 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

30 PQAWRRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

35

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60  
DSELQREGVS HYRLFPKALG QLISKYSLRE LHLSFTQGFV RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120  
WFQDVTVDVD KSWKELSNVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180

5 VLPREVCTE NLTPWKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240  
SWELRQTL SV VFDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESRYVVDI TTYNQDNETL300  
EVHPPPTTY QDVILGTRKT YAIYDLLDTA MINNSRNLNI QLKWKRPEN EAPPVPFLHA360  
QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTPWPYLR LLHPLPACPG PAATPPPDA420  
DSAAGQ 426

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

- 10 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

25 SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTL SLMWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTSS TPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

- 30 (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

45 AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRRLNT QHWRPGSRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60  
IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKHGEE GVEAEKKAIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120  
KFVDTDIWNQ YLEYQSSLLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIIQ SPPIDYFDVF180  
50 KESKEQNFYQ SQESIIALCT HLQQLIRTIE DLDENQLKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240  
GESSQNTNV LNSLEDLPKF ILLNDMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300  
TDLILADFL L SSELATEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHK WMSKCGADWE360  
EYIKMGKWVY HNHIFWTLPH EYCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKL T GDRKWE420  
FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWWTG KYGIFQYDGP480  
55 L 481

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- 5 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

20 FHISVSTNFS TKGINGLSVC NSFRNLERRE IAFFSASTPS SPCFSKNSLL CRCNVSITLV 60  
KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCWV FNRRRNREIG ICKSPPCPDC120  
RPGPPVSC 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- 25 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

40 ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPGA VPLAQAADQP EFQLLMFLWY RVVQDGSHE60  
PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- 50 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLLWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60  
IEAHEQGKDI DLNKVTKTKTA AKYGLSAQPR LVDIIAAVPP QYRKVLMPKL KAKPIRTASG120  
IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGYEQPP 168

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

GGTAAMISTR RGWAERPyla AVLVFTLFRS MSFPCSWASI SCLITSPIVS IISSAGLRSP60  
FRFCLISAPP 70

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLVG F NQLFN NISYS QHHQLSRAEI SFPLLPHFCA AVAEPPEIKM QPQTQTTEKA60  
DSHKTIPPVV K 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

5

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWWISL LAVPPQYRKV LMPKLKAKPI RTASGIAVVA VMCKPHRCPH 60  
ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSTLGY EPTSMRSYSV POMDFFPYRT RTPD 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRGWAE RPYLAÄVLVF TLFRSMSFPC SWASISCLIT 60  
SPIVSIISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120  
PCTDEDR 127

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PHTTNPTCFK LFLIRCPCPV RKRVIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNQ NQVPPRAYT60  
YISCKTDVWT SVGFAHSHD SNPTSSDGF RL 92

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

DLSRPGGTRF VLTIQQTFFS KVFVQDNFKN NIKINNGFDF SLKIEKKGVG GGVNHWPPFF60  
WRGPIGIVRP WSGSL 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

RTFVLFYHRL TLOLLINTSF GDVWCKTHKH TQKSTSPHLD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60  
IHRGFRGTQI TAGFQFFFN TFLWSVPTAL SVLLKLE 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ILHLEMYGVK HTNTHKKAQA RCMTRL SFLG LFLLRPAPSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFNF60  
FLTIHFCGQF QHCPYF 77

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren

30 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

45 ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren

50 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNYFNLL GFHLLILKF HQQWGTEK

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

15

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGKSL HPIQRIQWC

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

35

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

20 AMKVLSFLLC IRISFLFVVE SIVRGISKLN EVN 33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 25 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

40 AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAAQRISLN FSQKLLT 38

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

FTSFNLLIPR TILSTTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

10

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRAVC SLFWYVHFKK60  
TPLSSLANQE Y 71

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

REYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60  
FRVYPVE 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einz I
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

15 KNLEFFSPST SYLLLLQNSSE GFIYILSYPE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- 20 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

35 TPNSRGAGRV VRGSARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60  
NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRFGGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120  
LLMGGQQTIIY SCSSLTG FAS 140

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- 45 (A) LÄNGE: 279 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

5 QSRSRPRREG VGTGSRAVLC ILATCGSKMS DIGDWFRSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60  
LISPAYLFLW PEAFLYRFQI WRPITATFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120  
GRPADYLFML LFNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMSVLYV WAQLNRDMIV SFWFGTRFKA180  
CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240  
10 RRGVSGFGV PPASMRRAAD QNGGGGRHNW GQGFR LGDQ 279

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

30 IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEEVGR ADEAEFADQG HGDGGGGEPIA 60  
RDRRDAPEPV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTRPA PRL LGV 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

- (A) LÄNGE: 207 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

50 LEPLEPNRLE LKKGYLTLSG SGDKVAVEWD KDHGVLESH AEGKRGME LS DLIVFNGKLY 60  
SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTV EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTGT120  
DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNYNA LRAAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWFFL180  
PRRASQERY S EGRRAQGRQ PAAERLP 207

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 5 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RWWATRAAWT TRTGCPTTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60  
RKDDERKGAN LLLSASPDPFG DIAVSHVGAV VPTHGFSSEK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120  
RVASYIMAFI LDGRFLLPET KIGSVKYEI EFI 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

45 VGTAPTWT LT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTPAGRLMD 60  
EVTWRLDAGS SPQGVVVGHP VLVVHAALVA HHLHPLRVLV HHITRSGRPL LAQAAHVQTL120  
VLHCQPFGLA AFLHGAVAVG QNHGPGHFAA FDLVDDPRPV IHGVEFFIEN NQVG 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60  
S 61

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

NTMAVAAVKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60  
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120  
35 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60  
RSFLKVENFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120  
YVAIIVIW 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- 10 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

25 SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYPSK 60  
ETAHWKPPPW NDVDPPKDTI VKNITLNFGR QHPAAHGVLRL LVMELSGEMV RKCDPHIGLL120  
HRGTEKLIIEY KTYLQALPYF DRLDYVSMCM NEQAYSLAVE KLLNIRPPPR AQWIRVLFGE180  
ITRLNLHIMA VTTHALDLGA MTPFFWLFEE REKMFEFYER VSGARMHAAY IRPGGVHQLDL240  
30 PLGLMDDIYQ FSKNFSLRLD ELEELLTNNR IWRNRTIDIG VVTAEALNY GFSGVMLRGS300  
GIQWDLRKTQ PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRVEE MRQSLRIIAQ CLNKMPPGEI360  
KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVYLVSDGS420  
SRPYRCKIKA PGFAHLAAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVDRL 467

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- 35 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

50 QPSVHEHTHT HTHHTHTQR PISSEEQAPQ KKLIGRGDQT LLPCSPIYFS KYNILGTYDG 60  
NDICQHVSLR HLVQTSQMCK TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGSLNG SICGSWRNLV120  
55 ALSIQLKVMN Q 131



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- 5 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

20 SQDTMRCWVL GPKVQGNVLH NCVLWRVHII PRWRLPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60  
LPNTSAGLNR QSDSSPRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- 25 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

40 RRLRGGEPT DRRDPESRT PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60  
RPTPAMLFRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHLQ120  
SISNLNENQA SEEDELGEL RELGYPREED EEEEDAARL KS 162

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- 45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

10 VSLGRNLSAL PFLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60  
RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVROPTLEN PENREQGFAL120  
HNSTPQILSP GHRRTGQDP KIWGKEVLRT LRYP 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

30 AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRRIISTW RGSSWLGGAG 60  
TENWIFLRSL GSMARGVGGG AGVRDSGSRR RSVLGSPRR R 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

35 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPPL GARMSRFPA VAGRAPRRQE EGRSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60  
GGTTPTFPIQ QQRKKIIQAV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKYLYEAGFS QHGMIGVTQP120  
RKVA AISVAQ RVAEEMKCTL GSKVGQVRF DDCSSKETAI KY 162

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- 5 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

20 QIGGRARLHS GPGLCPGFPQ SRAGRQGGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60  
EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- 25 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

40 IGKVGVPVPPS WDVHPFSSLS AMQTAESRSS WRSLDRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60  
GGEHVHRSE 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- 45 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

10 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAIFYQK120  
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

15

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60  
KRKGMSFPLF DKKQPVMSKG AQERWVSHLE AFRTQL 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLALLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

5

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFAS VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60  
LHMFLQDEII DKSYPSPKIR HA 82

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

RASPCPHGGQ QRRRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60  
45 NFLEIDVSNP QTVGVGRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRYSDFEW LRSELERESK120  
VVVPLPGKA FLRQFLLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

50

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60  
VIQVLRIGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLPAVGT RARA 114

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

35 RRAQESPLGR QSHLPRIYQA FLMSATFNED VOALKELILH NPVTCLKQES QLPGPDQLQQ 60  
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSL L FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120  
LRSRCHIISQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFHH180  
VSAVLNFDLP PTPEAYIHRA GRTARANNPG IVLTFVLPT QFHLGKIEEL LSGENRGPI1240  
LPYQFRMEEI EGFYRCRDA MRSVTKQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLKTY FEDNPRDLQL300  
LRHDLPLHPA VVKPHLGHVP DYLVPPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360  
40 KHKGKKFRPT AKPS 374

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

(A) LÄNGE: 224 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

5

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSVSQRV VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180  
LLFSFGFEEE LKSLWEGRV TCPGFTRLFS CQLLLTRTYK HSRS 224

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

30

FFFFFFFFFG AAKIFILLSR GKMPAWKCQG AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60  
PVLHNVLSSR EAQQPQEGLA VGLNFFPLCL KLRSGFWDFA LLAFLQEEDS FFRFL 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

50

YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLLSPALMT LRKEDVIQ GK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60  
TGSLAP 66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

FRSCLFMLTG LLFIRQDVLV PWHLKGNPDK GKPVEPFGPI GSQDPSPVFH RYYHVFREGE60  
LEGACRTVSD VRILQSYDQ GNWCVILQKA 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHMOV TMKHRTWVLG SYGTKWLNRF60  
AFIRISLKV GNQYILTNNK KSC 83

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

5 ERRSKSREER EKEREREREE RERKRRREEE EREKERARDR ERRKRSRSRS RHSSRTSDRR 60  
CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDRRRSRSHD RSEKHSRSRS RDRRRSKSRD RKSYPKHSKS120  
RDREQDRKSK EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEG180  
10 DTQSN 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

- 15 (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

30 YHFPISQCLC LHS AFLDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSCA YMTFDPGFLLI 60  
FFDPDFEICV FFLIDHGFCF FVDLYFCSAF FLYFVTFCGP ETCCIFCLMF GLSVYFVNDFF120  
SFFFLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSLSLCLS CFSFLRRSSR IRLFGSSP 178

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

- 40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VSPS DLMSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDFTL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60

SRLLLLCLYD FRSLFDLLR SRLRDLCLFS DRSWLLLLRR SLLLLRLLSL LRDLLWSRDL120  
LHLLSDVRLE CLLRERLLFL LSLSRALSFS LSSSLRLFL SLSSLSLRS FSLSSLLLLL180  
LS 182

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VVPVPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKESP LLTQETQTQL60  
25 LQFHRNGTD LLDQMOMHASA TAAPLWGA 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

PRRSRHSLPR RHKHSSCNNS IGMGQTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGS DNC ISPGRCKWIK60  
45 H 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5<sup>1</sup>

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

STCIFLARCS CRTHQAPHSQ AAVAEACICM SSRVFPFRWN CCRSCVCSW VRSGDSFSVR60  
KN 62

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

VCPIPMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLGQEKI MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60  
35 S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

40 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60  
EEQ 63

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

KGWRSDFTVG GRQRDQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60  
RGSRS 65

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60  
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120  
LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180  
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDEPY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240  
KKAYDYFQA 249

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHYHYH IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60  
GKVPKIV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

RIFITTIFMA QKEMKYEHQK KLNLSLILIL KFLCLKKGRY LRLS

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

5 KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNNFSSTVC VLVVPL 46

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- 10 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

25 GRWRRRLRHG RGSAAVGP AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60  
KAEGFMDADI PLELVFHLPV NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CVTVKEKLE QAESLLSEPM120  
VHELVLWIIQ NLRHILSQPE TSGSGSEKCTF STSTMDDDL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180  
EKWASDLRLT GRLMFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSSSEN LQSRCGLKWK EMQREND 237

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

YLILLQGDRN NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KKCKEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60  
50 YSALDELQKE FETAGLKKLF SEFVLALVK 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

15

PLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTRAS TNSEKSFLSP AVSNSFCNSS NAEYSLTSNA60  
RNLLCSVCTF VSNSTLIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

RAGLFPGRRV GLEAENGPCP HQHGDFVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSGG60  
GVLLPHHRRN NL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

GRACFRGGAW GLRPTALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60  
VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH QRPVAFLAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120  
10 LGFIILDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFMARVF MRMKLPGYLM G 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

30 EAGCKSFHNI LSIYSVGQES YWPLMPMFIS HRTDTWRFNN NIINYSSGDE EVRHHHQSIH60  
SHGRRHVQPG RLLQLQVGTF EH 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

50 HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPVI FKQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60  
TLISTPDLVF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY SYW 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:



- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

ESKNKVGAD ECVIIYHQC IGFQFRKDLE SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

20

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

SGNCCQTEKA KTRSGVLSV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGP60  
FHNSSGAFSP ILFHTTITL 79

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

5 GTLRHSVHV V PPKHGHHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQEF QKHIHVATPA TSGILCSDKL60  
HGWEVFFLAR 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

25 HLIPFMAKSS FRVGNTQTFC ACCSPKAWSS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60  
YPSNKRHPVL R 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

30 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

45 SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKPQRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

50 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

15 GLPARRPQCF LRAEMANSG LLLGFSMALL GWVGLVACTA IPQWQMSSYA GDNIITAQAM 60  
YKGLWMDCVT QSTGMMSCKM YDSVLALSAA LQATRALMVV SLVLGFLAMF VATMGMKCTR120  
CGGDDKVKKA RIAMGGGIIF IVAGLAALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYFPGAIF180  
IGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

20

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

QHHHGPGHVQ GAVDGLRHAE HGDDELQNV R LGARPVRGLA GHSSPNGGLP GAGLPGHVCG 60  
HDGHEVHALW GRRQSEEGPY SHGWRHNFHR GRSCRLGSL L LVWPSDCHRL L 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

5 CCHPHRSSSA TAGWRCRPPD PPSPAGPWRS PATAGPNWPF PPSENTGGAG RGDPTVKQTT 60  
LGGQPHKRRKL EVEFSGHPKR QKGFGPGECK SCHQTTHKST PPVKRWPRGT GSRIRREGGS120  
RQNWWSPKAR RFPPGALGDP LSPPASRLLT GVGP 154

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

10

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

NLTQVTFLFF CPPNVHASYSR LHFEALMNIP VLVLDVNDDF AEEVTKQEDL MREVGRTILTP60  
VELVVSLLWLY LL 72

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

50 SPSHLSHEVF LFGYFLSKII IDIQHQHWNV HQSLKVEPIR SVNVGTEKK KCNLSQVSHT60  
RQVLLREQI 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

15 KRYNQRETTT KTGVKVLPTS LMRSSCLVTS SAKSSLTSNT STGMFIRASK WSL 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

35 SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPRQGRA TGRGESESAE 60  
LVPHSGQGRA ADQRQDLWS GRVLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

5 TRNGSVFGCY RPHRFPAKGS VSLVYSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60  
WKRTNGQDFL LLLLKTLNVK RKDWGQPGSS GPTSKFPLQV ILCQALFKK 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

- 10 (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

25 GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAGKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGGGLCP RRAPAGPWHQ 60  
GPQRPVKDEP QDGENPNPPN WSRTVVRDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120  
GATNAGKSTL FNTLLESDYC TAKGSEADR ATISWPFGTT LNLLKFPICN PTPYRMFKRH180  
30 QRLKKDSTQA EEDLSEQEQN QLNVLKKHGY VVGRVGRFTL YSEEQKDNIP FEFDADSLAF240  
DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVKDAHWF YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300  
VPRTFVLKPG MVLFLGAIGR IDFLQGNQSA WFTVVASNIL PVHITSLDRA DALYQKHAGH360  
TLLQIPMGKK ERMGRISSSC C 381

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

QPSTTCTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60  
LEGLPPSWYK VFDPSGLPY YWNADTDLVS WLSPHDPNSV VTKSAKKLRS SNADAEKLD120  
55 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180

EG

182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

5

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRE ASSNIWSLNQ RKRS LPRTMT 60  
MILWTTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTPW LPNRPRSSEA120  
VMQMLKKSWT GAMTSRTGAM TSRTAAMRN 149

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

30

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

PRSRSLSDLS WPRSDLSWPL SSFSWLRS DL SWPLSDLSWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60  
TTELGSCGES QDTRSVSAFQ 80

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

50

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEF SRLYDAV LRGPMDSDDS HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60  
ERDILSNGQQ VLVCSEGGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVAAF120  
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTSDMIAEV GAAFSKLFET 160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDFPI THTLSPVQGA CLLVCAGSG FKELAEGGPH 60  
LGDHVGGGGG ATVLEGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120  
EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVAQG LAES 164

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

40

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

5 KSGKHRTPSA HAWVRIFPSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLKKAAPTS AIMSEVVVER 60  
PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGDLPFV FCGPARSAQC TRTPREPDRR SPCPPHLRL120  
PSWLHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDPWLS SLSIGPLSTA SYSLLNSTWL180  
GVSTAFR 187

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

LFLFTNHND S GKPGCKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK

40

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

QAEDKSETGL MRITGKLALA PPENELFHSL ADHP

34

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einz l  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLLSSACYRE MALLITDP

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

RQLFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLYSLAWAG APLLGWNRYYI 60  
LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLFLGC LVVPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120  
QFK 123

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

45 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5

TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTRTRL HCGLEIQGCQ 60  
RFLCAFLIS WLPGGAPGCH SPLWPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120  
F 121

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSRRRCR 58

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15

FCTTLWPSGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSSN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI60  
FSQGSNGL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

20

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VLSLHSSPLA KTGLNMKSPA60  
PRPQ 64

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5    APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLPQ FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLIP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

10

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25    (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

YEIQSLPFPS FSSAKLSLLW HSPFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60  
NGLWYVMQVV SLLDPRTSE FTAAFGVRLV STLISKAGRE LGENLDQILR AILSKMQQAE120  
30    TLSVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYQYEGK180  
VSSVALCKLL QHGINADDKR LQDIRVKGEE IYSMDEGIRT RSKSAKNPER WTNIPLLVKI240  
LKLIIINELSN VMGG 254

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

- 35    (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

50

SLSGPNANEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60  
AQCTLHTDDN AISAEWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMTLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSOLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180  
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPTSEFT AAFVGRLCFH240  
PHLQGRAGTR GESRPDFVFP SFS 263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGLTHRP ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60  
PQQGKLGR 68

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGR L CISYYCCQDI NGCRTKPCR N60  
LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

TRSSSPQTIT FDACVVIPCG DLQSQKQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60  
SWNEVVWTE YQGWTSSTGG CMSLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTD PK120  
35 PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

40 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

DVPLLFRLLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK

49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

5

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

SECMVLRITYN HRLTRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSL S

51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

25

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRAACTC GVPSPSPAPP60  
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVFPF

97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

45

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

10 GKGTMRSVLI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFGGA GELGQTPQVQ AALSVSQENP 60  
EMEGPERDQL VIPDGQEEEQ EAAGEGRNQQ KLRGEDDYNM DENEAESETD KQAALAGNDR120  
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

15

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLAGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPVCNSRCHL60  
QLKHSSYVMS LVTKVKLSPH EKAT 84

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRÿWGSHSWG HSEATRNAS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- 5 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 TPRNLNFHFSK LTQFHCVNTV SLGSTKHPIT QFCFIVWTPS RLQGHGQEV CEEVCGFLVL 60  
ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- 25 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 VAPAVGSPVS QAPQRQGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLPKK60  
I 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

- 45 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

10 CNCAPSLPDF SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEEA TRNPRPLLLK FTASVVVPDS60  
SPAPGTTSTW GGAF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

15 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

30 ATVHPACQIF PHYTPSVAYP WSPEAHPLIC GPPGLDKRLL PETPGPCYSN SQPVWLCLTP 60  
RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AEGRPCPYPH CQVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

35 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

50 DRRSHGLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIH 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

- 5 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

ERLSHCRLV MLALISLCTP CTHAFSPVY QASVSCITLK CDH

43

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

- 25 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40 WIKRILIHIF KLLSREVVQ QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSLSFMY60  
YTKM 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

- 45 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNILSITL60  
AYCYYYISSI YRQKGHF 77

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC 48

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIVTV CKSDTQNV 48

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

15 EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60  
ENGSPGSDSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

35 MCDFIRGICQ FSHCGSFSDP ACSSSKEARS FADFTIPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60  
NLC 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

5

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWFLQ60  
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

10

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

LGDHIYNWDV NHFFSGIRAO RHNLQGHIIY YEHTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKSI60  
YVG 63

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60  
ESFRRLHKYV LCTCPMLGNR KIIVIDKT 88

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

15

LTVVYTVFYA LLFVFIYVQL WLVLRYRHKR LSYQSVFLFL CLFWASRRTV LFSFYFKDFV 60  
AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTTLTMNL YFTQVIFKAK SKYSPPELLKY RLPLYLASLF120  
ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIVSVR VAINDTLFLV CAVSLSICLY KISKMSLANI180  
YLESGSSVC QVTAIGVTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNK SVHSFDYDWY NVSDQADLKN240  
20 QLG DAGYVLF GVVLFVWELL PTTLVVYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

25 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

40 HRRHLRVLRA ALRVHLRAAL AGAALPPQAA QLPERLPLSL PLLGLPADRP LLLLQRLRG 60  
GQFAQPLRLL AALLPCVPA VFHPHADELV LHAGDFQSQV KIFSRTQIP VAPLPGLPLH120  
QPCFPVGEFN LCCAGKDGKL GEEGYRLCAS GH 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

45

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

10 LGFENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60  
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDE 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

15 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

30 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMTLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRILIP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSOLL ICQAFFPAVAQ CTLHTDDNAT180  
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRITSEFT AAFVGAFVST240  
35 LISKAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

40 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGR L CISYYCCQDI NGCRTKPCR N60

LVCWGGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ

97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

- 5 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

20 PPAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEMRVE TKAPTKAAVN SEVRGSRSWL TTCITYHSPL60  
WPCSSCHWAT CSRVTDT 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

- 25 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

40 IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRRKSIFYR GGFILDQKNK60  
KN 62

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

- 50 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

10 DLIYNYCYCP SDLSFSAIDV IAISRSSHNV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPPNTYTYT60  
SRIAK 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

30 LDSLPFHVVF PDPHPSFWLF TRIRHLRSWG QCYVPGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60  
KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLVIP WPPPGENQPH60

PASWGQWGRD FGLSEQLEA AHD

83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

- 5 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

20

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60  
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

25

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

40

TLNPHKTLA KKVRIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60  
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

45

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

10 YSFFFLYQN NHLPLFFLER EEESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPLMSA ASVHRPQVKE60  
RMRSSWTS 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

15 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

30 KPSIHFFFSK TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SFTTHVGVHS CQQPPCTGPR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

35 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

50 DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

- 5 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

VLGKSSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP 52

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- 25 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

YRYVFPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- 45 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

5

VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFHTIL KCLLGKLTPE CSKGALHLLK PWGHTSSVAS60  
EGQILWVVGDNFVLTYVIL 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60  
YCLQFNIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

SMPFQFGTQP RRFVVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPG SHCLTITDVP60  
VTVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNVVKES PDVIISGCHR60  
NI 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

20

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

REHQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLLPLETS LAGFQIEKAY 60  
FTENQKRLSL IPVEVNKSMML STGLSTEGWN CQRNDDQMFR 100

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

5 NSHLNVTLLI IMLIFSISYR NQSLCLKLRG LKNVYHSIFI

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- 10 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

25 GGIGYKGRYL NSSNNGYNPF FHNHLGCFKA I

31

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

- 30 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

45 TLIPIRDAKN QHNYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNLIK KYKAFKNLTH HLK

53

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

- 50 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHPKWLW KKGLYPLFEL FRYLPLYPIP P

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

15

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

CNIFQWGPSE HTCWTVQTIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTLSN GKLASNFFKY60  
SIFFSPLVVT GFYRSSYTV C FNSGP

85

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN TfvSEETQFW RGICSLYLKS60

KLSLMVNWLL IFLSTVFFFP L

81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

- 5 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

20 YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVFRTSC PTWLPGAQGF60  
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVR SMRLS 95

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERP60  
45 ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

SRWND SHPLL ISPLTSLKLL SSSKSHCQLP YVVLGPREPW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60  
TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVGPHGPA WTLG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

15 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRCACSSPG SMLAHVGPLIC PQRSRNAHDQ PRVHAGPCRP LCPLRSRNAL60  
VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGSLM S 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

(A) LÄNGE: 456 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNDDYFADV SPLRATSPSK SVAHQAPEM 60

5 PLVKKKKKKK KGVSTLCEEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNNKSPL120  
AMSHASGVKT SPDPQGEET TRVGKKLKKH KKEKKGAQDP TAFSVQDPWF CEAREARDVG180  
DTCVSGKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGHSP SRSMESSPRK240  
GSKKKPVKVE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQPVI EEPALKRKKK KERESGVAGD300  
PWKEETDIDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW360  
DTAGFENEDQ KLKFLRLMGG FKNLSPSFSR PASTIARPNM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR420  
AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

VRVCFLLPRV SCYPTLSLLL FLPPQSWLLD DWLLYLLFGL HLFCLGGLRV ITYGDVFRSL 60  
NFDWLLFTSF PRAALHGPGG LGVAWEGISL LVDFFFLLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120  
30 ILLPH 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

- (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

50 SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPFI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60  
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGSPL120  
TPLSLSFFFF LFRAGSSMTG CSTFFLDFIF FFAEALGSSL MGYSGASTL TGFFLLPFLG180  
LLSMDLEGLE WPGRASPSWW IFFFFFFFPL CSLGLFRFRF CPKAACSSSF FPTEQVSPS240  
LASLASQNG SWTEKAVGSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300  
55 FLEFFSPLRN SKWPNTCFLR LGDFSURLAG SVVSGSTCSS QRVLTPIFFF FFFFTRGISG360

ACPWATLLEG DVALKGETSA K

381

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- 5 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

20 DHHNKLSLQS QTYIILSVN GEKISPYVLW VKCCNRLGLS NLP

43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- 25 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

40 MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFINTNK RLVLSQFICH EPRNN

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

10 GKPKNCCDFF QGKLDNPNLL QHFTHKTYGL IFSPLTDSSI 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

15 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

30 GVGGGALRSA ALPWRTLPLT STCSRCTKPS TAEMEHLVQS WCLLNILMLQ THDFKWPLQR60  
RSVKNKSWNPL MMKCLQLI 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

35 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

50 RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDSRDGASC AELVSFKHPH VANPRLQMAS 60  
PEEKCCQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120  
LSCMQ 125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

20 MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLKSWVCN MRMFKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60  
GNVRHGSAAE RRAPPPTPQA 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

40 RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRWPE MCFRSLTHHS LHTRREHHSW60  
SILRMEI 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

- 45 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

PITPYTHDVN TTPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPHTH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

RATSGRSGFI KPSNLKQGTG FGSWLLNVVS GCVGNDGRFV CEKLPHGIIQI SILRMLQEW60  
SRRVCRE 67

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 451:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LVPVGREPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60  
IFEEDTPSVM EIEMEELDKW MNSMNRNADF ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLRLPQGL LLENMSAIQ V

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

20

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

FDSFSSFKVG KHSKSAFLFM LFIHLSSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

40

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

5    PITTCSLGDP GKDKYTCTHR GRERCVRQIC INILFSHPDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60  
      LELYFLERSE TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNSRSCSIS SRHGLLI 107

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:**

10 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

•

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

25 RRGVSFLLSR QKWYHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLCCPK TRPGNCWGAK60  
GIAPVPOASR VGR 73

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

35 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

•

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMVTVISS60  
RKDISKE 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einz I
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

15 DQPSLPFIRH KTLNLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESLQSSN60  
IESKEINGIH DESNAFESKA S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:

- 20 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

35 QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

- 40 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHV SGEPIILVAI LVRLRVLCRI NGREGW

36

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

- (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL

36

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSILKLVIP WPPPGENQPH60  
PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

10

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60  
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

15

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

TLNPHKTLISA KKAARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60  
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDTNMHS VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60

SMLFYNCDSP GSLGAI

76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

20 NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- 25 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

40 HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWSLEG

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 45 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

IPLQRFSLLT SLFFVLKLDL LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKERKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWT A HSKLTRLAIC60  
EYFSK 65

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTPF NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN 56

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren



(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

15 ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

- 20 (A) LÄNGE: 399 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

40 AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRRELPF 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120  
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180  
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLDTFTA YYRL LITHLG LPQWQYAF TS300  
YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FKSKNKIVIP KKKGPVQPAG360  
GQKGPSGPSG PSTSSTSKSS SGSGETPPGK LRHPSFQFA 399

- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

10 RSAGGFSMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVSFS RCGLLQPSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60  
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GG PGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

30 KYVSHANISI YKWRTLTL LLS FSYKIPNFVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

35 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

50 WIFRVCCISR EIHFYILFYI KHLDKGHLTH FKKHKCI 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäur n

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

PKGLSIKVRN NLDTRRKRCR LLNFIHHIH CQI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNILSITL60  
AYCYYYISSI YRQKGHFRNI

80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60  
ENGSPGSDSW 70

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

(A) LÄNGE: 400 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

PQQTWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60  
50 DLPRPLRSRE FPQFEPQRYF ACAQMLPPNL SPHAPWNYHY HCPGSPDHQV PYGHDPRAA120  
YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180  
HQPPNRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPSP AAVPRPPSNP PARGTLKTSN LPEELRKVFI240  
TYSMDTAMEV VKFVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIK WMERYLRDKT VMIIVAIKSPK300  
YKQDVEGAES QLDEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIKQGSMMF RFIPVLPFNA KKEHVPTWLQ360

NTHVYSWPKN KKNILLRLLR EEEYVAPPRG PLPTLQVVPL

400

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

- 5 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

20 SSSGWRVARG SRHSSWGRRL GNLWSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMWLVL VPWKPRKGAV 60  
SLCGPLFLVP GAGIIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSR VMAIWHLVIG120  
TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGE RSGEVLGVTH GGEGQGPFQL180  
25 PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSVPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

45 KQRMQSSHRL HFKARVCGGL RGRALHNRF GQQRASRGGT EKNQPGVLPT SLSQNAVRTR 60  
PQTPGLSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120  
AHAPS 125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- 50 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

VAMTAKDCSI MIALSPCLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLCLKPY ESIPHQYKLD60  
GKIVNYYSKT VRAKDNVMS TRFKESEDCT LVLHKV 96

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

LHCLPVCMP ALIKGLWSLH RGPGLPFPCL CWTLTSSPTR APPISINWTA RSSTIIQRLY60  
VPKTFP 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

NKAERIRESD MSPGWERRTI QNVFPGLNGH FHFKSVSSFL GHSTHFLHSL SRKLFLVLFN 60  
SMSPRGNPTS KGVKSKNIHN QRSPTTNI SIIQPSHYVQ VSKTLQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

5

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

CSSIPCLQEA IPPQKGLKAK TFTTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60  
CNLRFP 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGFALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

15 AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120  
PGVTEVTIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHM TWSV KLDEHIIP LG180  
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWF LDRALY WHFLTD TFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300  
YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FKSKNKIVIP KKKGPVQ PAG360  
GQKGPSGPSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

40 RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60  
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

45 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

LAAGRGKEEE MGFEDHGLPF LPLTHHTPPF PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ QGFSPYQREM 60  
WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEWVVF LQMDLLRRII VFHVFSPOVT KINICIYNLY120  
10 YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

15 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

30 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60  
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQRAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPPQ HDCGRPKDIP60  
RFRL 64

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

5

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

RFTASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGPVPVK AGSHFSHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60  
MTRGQLAQFP LFSWGEGTL 79

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

KSSPDPARHY GSPPEGERRG KRSVPKVNPR SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60  
MLGQNASPHL TKGLQAGWE MNQILTTPPP CPAHLLGQYQ 100

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 494:

50

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFNS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60  
HGGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

RVPSPOLNKG NWNWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA WGWEKWLPAP TGTGPEGGQG60  
MEEGVLISSG FPTLLAVNL 79

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

40 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

IQKVQYYTSP AAFVNGSLHS HWGTTVCMGR NSKCPHCGHW VGS AFCQGV C RNWLISVCQS60  
DQHTKVS A I K NVASLHPPSC YSGPSNLM 88

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWLRMRK SFLQWEEIHF SIPVQSDFMG60  
PVLNSDCIIN TIKRDSEMG S RIHWDNSKAY NTALMDPT 98

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

45

AGYTPVSSTI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGVL ITLAYRNKPI PADSLTKGTP60  
HPMTTMRALA VSAHAHSCTP MAV 83

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

15

GKICEYVNFL SLRDDRMFPY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60  
VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

20

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

35

SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKKSS LTIVNSISYF60  
SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTFE SNTPEPKF 98

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

5

VSSCTSNHGV RSSLSSGEHK CTERDVLRVT TKELPSLSLT QAMCTCDAE CAGVGGGHVA60  
PPEHFLTGKL GDPLLVNFVE IRTVSFT 87

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

PSGPFSSLES TLLLQQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLNTAA RMGCLLPVCH60  
GSINSLSSGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

VFIYDSLIIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGSNLSLGS KVGHSSMHR 59

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

DRKFWNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDERTG CGAVKYFRPR60  
SVYTFYRRNE VL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHFCV LNLSDHITYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60  
GNTSNAYPLL ACYACFTAI AVCFTVFVKI PLSPFLVTGK AC 102

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

30 NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGLLLSL VIVFRLEMPF TLVINITYN VFLGRHFIKC60  
IMPWLLLR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

35 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMFNWDV CHSRAARQTF KSNSHTAELA FLLTQKFRKL60  
TVTVT 65



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

20 GPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM FQPFNLTCLL LSFPPISSNL FCLTIYYLLG60  
ITSSYRIPSS LMSCPQKY 78

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- 30 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

45 SLKLLGFLDV ENTPCARHSI LYGSLGSVVA GFGHFLTSE YLYFLFLYVL KKAFLYIMNY60  
FFF 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 50 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

SFVKWSPNLK LGNYEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG

53

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTTL HRAGAMHRHP SLP

43

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

QALQQIYRQT LTDTGQFSLR RNFLVLSWVT ILQNFTT

37

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

5

- (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

TGGARARRPL SAVARPARSS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCRWIL PLLLLSAIAF 60  
DIIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GGSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120  
IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TFTLHANRAV180  
25 TYIYNWAYGF GWAATILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

30

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

DPLPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQRIM60  
LTGGAGPSGA ERSGSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

- (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15 TLPMKNGFKVA WRNSFFFWSP SQQQRFSPTE IPKLGRCEV PGLGIAQKVI FVVGEAAEEE 60  
GTADQDNREGC PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQGDDLEHSS QGKETSNNHSQ120  
EDKHLGSTEG EGEDETDHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFPP180  
QGRRLAVVAR LQPAAAGQRD DVEGDGAE 208

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 PSCPPPEMKKE LPVDSCLPSS LELHPQKMDP KRQHIQLLSS LTECLTVDPD SASVWRQLYP 60  
KHLSSQSSLLL EHLSSWEQI PKKVQKSLQE TIQSLKLTNQ ELLRKGSSNN QDVVTCDMAC120  
KGLLQQVQGP RLPWTRLRLLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRS SGFLPASQQA180  
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGVP 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

45

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

10

PEVMAQEAYS EDQQQQEPR PGQPRTLNL QALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60  
GLNGFLQRL YLLGNLLPGA EQVLQKAGL 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

15

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

GTPKRHFSPN QPVTLQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60  
KTSSNRRSRV QGSRGP 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

40

(A) LÄNGE: 355 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

FRHSMNGCEK DSSSTDSANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGVGTGPNI KSVKDLQRCT 60

VSLTRYRVM I KEEVDSSVKK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120  
AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHFV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180  
EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG KQSNFSRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240  
STADPSHOTM PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNRSRHEHR300  
5 RQPHNGFRPK NKGGAQNQEA SLGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCRTFREGQ GPFRG 355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

- 10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

NQNVKNRGTO KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLPSPGL 60  
FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGF I PTALRLGRPI120

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

RAVRISMASS LTLISIAINE TSLSMQLCN SAKAALIFT ELSTSSLIMT RYLVRETVQR 60  
50 CKSFTDFSIF GPVTPRSafe GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESVDELSFSQ PFMLCR 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:

55

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVS VG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60  
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120  
VVFLFVYFLP 130

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

25

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGKPICPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET60  
ISTINTRCVH LHLAPAAS 78

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60  
RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

SLNSTFSVLP QKFPQFQQHR AVYNSFSFPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60  
LDLNLPPQHN TGLGGIPVAG EEEVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQQPTSLHTT VA 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

RFRPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAWATGFLH DSFMILLMY60  
TPRRANINVP HA 72

5.

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

25 RNHAKIQLPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60  
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 531:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1708 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 531

CCTGGAAACA AGATCCAAAC CCAAGTGACC CCGCCGGAAG GTGACCCAGT CAGGTTTAAA 60  
AATTCCAACA AACCGACGTG AACAAATAGA CCGACCAACC AAATATACAA TCCGTCAAAA 120

TACATTCACT TCCACTACGA AACCCCAACA AAGGGTGTGA ATGCCCGCCC AGGAGAGACG 180  
GTTTTGGTTT CATCAAGTGT GTGGATCGTG ATGTTTCGTAT GTTCTTCCAC TTCAGTGAAA 240  
TTCTGGATGG GAACCAGCTC CATATTGCAG ATGAAGTAGA GTTACTGTG GTTCCTGATA 300  
TGCTCTCTGC TCAAAGAAAT CATGCTATTA GGATTAAAAA ACTTCCCAAG GGCACGGTTT 360  
5 CATTTTCATT CCATTCAGAT CACCGTTTTT TGGGCACGGT AGAAAAAGAA GCCACTTTTT 420  
CCAATCCTAA AACCACTAGC CCAATAAAG GCAAAGAGAA GGAGGCTGAG GATGGCATT 480  
TTGCTTATGA TGA CTGTGGG GTGAACTGA CTATTGCTTT TCAAGCCAAG GATGTGGAAG 540  
GATCTACTTC TCCTCAAATA GGAGATAAGG TTGAATTTAG TATTAGTGAC AAACAGAGGC 600  
CTGGACAGCA GGTGCAACT TGTGTGCGAC TTTTAGGTCG TAATTCTAAC TCCAAGAGGC 660  
10 TCTTGGGTTA TGTGGCAACT CTGAAGGATA ATTTTGGATT TATTGAAACA GCCAATCATG 720  
ATAAGGAAAT CTTTTCCAT TACAGTGAGT TCTCTGGTGA TGTGATAGC CTGGAAGTGG 780  
GGGACATGGT CGAGTATAGC TTTGCCAAAG GCAAAGGCAA CAAAGTCAGT GCAGAAAAAG 840  
TGAACAAAAC AACTCAGTG AATGGCATT 10 CTGAGGAAGC TGATCCCACC ATTTACTCTG 900  
GCAAAGTAAT TCGCCCCCTG AGGAGTGTTG ATCCAACACA GACTGAGTAC CAAGGAATGA 960  
15 TTGAGATTGT GGAGGAGGGC GATATGAAAG GTGAGGTCTA TCCATTTGGC ATCGTTGGGA 1020  
TGGCCACAA AGGGGATTGC CTGCAGAAAG GGGAGAGCGT CAAGTTCCAA TTGTGTGTCC 1080  
TGGGCCAAAA TGCACAAACT ATGGCTTACA ACATCACACC CCTGCGCAGG GCCACAGTGG 1140  
AATGTGTGAA AGATCAGTTT GGCTTCATTA ACTATGAAGT AGGAGATAGC AAGAAGCTCT 1200  
TTTTCCATGT GAAAGAAGTT CAGGATGGCA TTGAGCTACA GGCAGGAGAT GAGGTGGAGT 1260  
20 TCTCAGTGAT TCTTAATCAG CGCACTGGCA AGTGCAGCGC CTGTAATGTT TGGCGAGTCT 1320  
GTGAGGGCCC CAAGGCTGTT GCAGCTCCTC GACCTGATCG GTTGGTCAAT CGCTTGAAGA 1380  
ATATCACTCT GGATGATGCC AGTGCTCCTC GCCTAATGGT TCTTCGTCAG CCAAGGGGAC 1440  
CAGATAACTC AATGGGGTTT GGTGCAGAAA GAAAGATCCG TCAAGCTGGT GTCATTGACT 1500  
AACCACATCC ACAAAGCACA CCATTAATCC ACTATGATCA AGTTGGGGGG AATCTGGTGA 1560  
25 AGGGTTCTGA ATATCTCCCT CTTCACTCCCT CCCGAAATCT GGAATACTTA TTCTATTGAG 1620  
CTATTACACC AGTTTTAACA CCTTCCTCGT GTTATGTTTA AAAAAATAAA TAAATTTAAG 1680  
AAAACCATTT TAAATAATGA AAAGTTGG 1708

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 532:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2128 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 532

CTGTATCCTA ATTTCTTGGT GAATGAACTC ATTCTTAAAC AGAAGCAAAG ATTTGAGGAA 60  
AAGAGGTTCA AATTGGACCA CTCAGTGAGT AGCACCAATG GCCACAGGTG GCAGATATTT 120  
55 CAAGATTGGT TGGGAACTGA CCAAGATAAC CTTGATTGG CCAATGTCAA TCTTATGTTG 180  
GAGTTACTAG TGCAGAAGAA GAAACAACCTG GAAGCAGAAT CACATGCAGC CCAACTACAG 240  
ATTCTTATGG AATTCTTCAA GGTGCAAGA AGAAATAAGA GAGAGCAACT GGAACAGATC 300  
CAGAAGGAGC TAAGTGTTTT GGAAGAGGAT ATTAAGAGAG TGAAGAAAT GAGTGGCTTA 360

TACTCTCCTG TCAGTGAGGA TAGCACAGTG CCTCAATTTG AAGCTCCTTC TCCATCACAC 420  
AGTAGTATTA TTGATTCCAC AGAATACAGC CAACCTCCAG GTTTCAGTGG CAGTTCTCAG 480  
ACAAAGAAAC AGCCTTGGTA TAATAGCACG TTAGCATCAA GACGAAAACG ACTTACTGCT 540  
CATTTTGAAG ACTTGGAGCA GTGTTACTTT TCTACAAGGA TGTCTCGTAT CTCAGATGAC 600  
5 AGTCGAACTG CAAGCCAGTT GGATGAATTT CAGGAATGCT TGTCCAAGTT TACTCGATAT 660  
AATTCAGTAC GACCTTAGC CACATTGTCA TATGCTAGTG ATCTCTATAA TGGTTCCAGT 720  
ATAGTCTCTA GTATTGAATT TGACCGGGAT TGTGACTATT TTGCGATTGC TGGAGTTACA 780  
AAGAAGATTA AAGTCTATGA ATATGACACT GTCATCCAGG ATGCAGTGGA TATTCATTAC 840  
CCTGAGAATG AAATGACCTG CAATTCGAAA ATCAGCTGTA TCAGTTGGAG TAGTTACCAT 900  
10 AAGAACCCTG TAGCTAGCAG TGATTATGAA GGCACGTGTTA TTTTATGGGA TGGATTACACA 960  
GGACAGAGGT CAAAGGTCTA TCAGGAGCAT GAGAAGAGGT GTTGGAGTGT TGACTTTAAT1020  
TTGATGGATC CTAAACTCTT GGCTTCAGGT TCTGATGATG CAAAAGTGAA GCTGTGGTCT1080  
ACCAATCTAG ACAACTCAGT GGCAAGCATT GAGGCAAAGG CTAATGTGTG CTGTGTTAAA1140  
TTCAGCCCTT CTTCCAGATA CCATTGGCT TTCGGCTGTG CAGATCACTG TGTCCACTAC1200  
15 TATGATCTTC GTAACACTAA ACAGCCAATC ATGGTATTCA AAGGACACCG TAAAGCAGTC1260  
TCTTATGCAA AGTTTGTGAG TGGTGAGGAA ATTGTCTCTG CCTCAACAGA CAGTCAGCTA1320  
AAACTGTGGA ATGTAGGGAA ACCATACTGC CTACGTTCTT TCAAGGGTCA TATCAATGAA1380  
AAAAACTTTG TAGGCCTGGC TTCCAATGGA GATTATATAG CTTGTGGAAG TGAAAATAAC1440  
TCTCTCTACC TGTACTATAA AGGACTTTCT AAGACTTTGC TAACTTTTAA GTTTGATACA1500  
20 GTCAAAAGTG TTCTCGACAA AGACCGAAAA GAAGATGATA CAAATGAATT TGTTAGTGCT1560  
GTGTGCTGGA GGGCACTACC AGATGGGGAG TCCAATGTGC TGATTGCTGC TAACAGTCAG1620  
GGTACAATTA AGGTGCTAGA ATTGGTATGA AGGGTAACT CAAGTCAAAT TGTACTTGAT1680  
CCTGCTGAAA TACATCTGCA GCTGACAATG AGAGAAGAAA CAGAAAATGT CATGTGATGT1740  
CTCTCCCCAA AGTCATCATG GGTTTTGGAT TTGTTTGTAA TATTTTTTTC TTTTTTCTT1800  
25 TTCCCTCCTT TATGACCTT GGGACATTGG GAATACCCAG CCAACTCTCC ACCATCAATG1860  
TAACTCCATG GACATTGCTG CTCTTGGTGG TGTTATCTAA TTTTGTGAT AGGGAAACAA1920  
ATTCTTTTGA ATAAAAATAA ATAACAAAAC AATAAAAGTT TATTGAGCCA CAAAAAAA1980  
AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA ACAAAGAGA AACCAAAGGT TACGAAGTAG CATATGTGAA2040  
CTATAATGTA ACAGTGAATA ATTTGTAAAG TTCGTATTTT CCAACCTCTT TGGGAATTAC2100  
30 ACATATCAAT ATAAACAAA TATAAAGT 2128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 533:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
35 (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 533
- 55 CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60  
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA ACACCTCAGT TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120  
CCTGGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180

```

GCACATTACA  ACAAAGAGCT  GGCAGCTCCT  GAAGGAAAAAG  GGCTTGTGCC  GCTGCCGTTT  240
AAACTTGTCA  GTCAACTCAT  GCCAGCAGCC  TCAGCGTCTG  CCTCCCCAGC  ACACCCTCAT  300
TACATGTGTC  TGTCTGGCCT  GATCTGTGCA  TCTGCTCGGA  GACGCTCCTG  ACAAGTCGGG  360
AATTTCTCTA  TTTCTCCACT  GGTGCAAAGA  GCGGATTTCT  CCCTGCTTCT  CTTCTGTCAC  420
5  CCCCCTCCT  CTCCCCCAGG  AGGCTCCTTG  ATTTATGGTA  GCTTTGGACT  TGCTTCCCCG  480
TCTGACTGTC  CTTGACTTCT  AGAATGGAAG  AAGCTGAGCT  GGTGAAGGGA  AGACTCCAGG  540
CCATCACAGA  TAAAAGAAAA  ATACAGGAAG  AAATCTCACA  GAAGCGTCTG  AAAATAGAGG  600
AAGACAAACT  AAAGCACCAG  CATTTGAAGA  AAAAGGCCTT  GAGGGAGAAA  TGGCTTCTAG  660
ATGGAATCAG  CAGCGGAAAA  GAACAGGAAG  AGATGAAGAA  GCAAAATCAA  CAAGACCAGC  720
10  ACCAGATCCA  GGTCTAGAA  CAAAGTATCC  TCAGGCTTGA  GAAAGAGATC  CAAGATCTTG  780
AAAAAGCTGA  ACTGCAAATC  TCAACGAAGG  AAGAGGCCAT  TTTAAAGAAA  CTAAGTCAA  840
TTGAGCGGAC  AACAGAAGAC  ATTATAAGAT  CTGTGAAAGT  GGAAGAGAAA  GAAAGAGCAG  900
AAGAGTCAAT  TGAGGACATC  TATGCTAATA  TCCCTGACCT  TCCAAAGTCC  TACATACCTT  960
CTAGGTTAAG  GAAGGAGATA  AATGAAGAAA  AAGAAGATGA  TGAACAAAAT  AGGAAAGCTT  1020
15  TATATGCCAT  GGAATTAAA  GTTGAAGAA  ACTTGAAGAC  TGGAGAAAGT  ACAGTTCTGT  1080
CTTCCATAC  CTCTGGCCAT  CAGATGACTT  TAAAAGGTAC  AGGAGTAAAA  GTTTAAGATG  1140
ATGGGCAAAA  GTCCAGTGTA  TTCAGTAAAG  TGCTAATCAC  AAGTTGGAGG  TCAATGGCAC  1200
CGATGGCCTG  GCACCAGTTG  AAGTAGAGGA  ACTTCTAAGA  CAAGCCTCAG  AGAGAACTC  1260
TAAATCCCCA  ACAGAGTATC  ATGAGCCTGT  ATATGCCAAT  CCCTTTTACA  GGCCTACAAC  1320
20  CCCACAGAGA  GAAACGGTGA  CCCCTGGACC  AAACCTTCAA  GAAAGGATAA  AGATTAACAA  1380
TAATGGACTG  GGTATTGGTG  TAAATGAATC  CATAACAAT  ATGGGCAATG  GTCTTTCAGA  1440
GGAAGGGGGA  AACAACTTCA  ATCACATCAG  TCCCATTCCG  CCAGTGCCCT  ATCCCGATC  1500
AGTGATTCAA  CAAGCAGAAG  AGAAGCTTCA  CACCCGCAA  AAAAGGCTAA  TGACTCCTTG  1560
GGAAGATCG  AATGTCATGC  AGGACAAAGA  TGCACCTCT  CCAAAGCCAA  GGCTGAGCCC  1620
25  CAGAGAGACA  ATATTGGGA  AATCTGAACA  CCAGAATTCT  TCACCCACTT  GTCAGGAGGA  1680
CGAGGAAGAT  GTCAGATATA  ATATCGTTCA  TTCCTGCCT  CCAGACATAA  ATGATACAGA  1740
ACCGGTGACA  ATGATTTTCA  TGGGGTATCA  GCAGGCAGAA  GACAGTGAAG  AAGATAAGAA  1800
GTTTCTGACA  GGATATGATG  GGATCATCCA  TGCTGAGCTG  GTTGTGATTG  ATGATGAGGA  1860
GGAGGAGGAT  GAAGGAGAAG  CAGAGAAACC  GTCCTACCAC  CCCATAGCTC  CCCATAGTCA  1920
30  GGTGTACCAG  CCAGCCAAAC  CAACACCACT  TCCTAGAAA  AGATCAGAAG  CTAGTCTCTA  1980
TGAAAACACA  AATCATAAAT  CCCCCACAA  AAATTCCATA  TCTCTGAAAG  AGCAAGAAGA  2040
AAGCTTAGGC  AGCCCTGTCC  ACCATTCCCC  ATTTGATGCT  CAGACAACTG  GAGATGGGAC  2100
TGAGGATCCA  TCCTTAACAG  CTTTAAGGAT  GAGAATGGCA  AAGCTGGGAA  AAAAGGTGAT  2160
CTAAGAGTTG  TACCACCTAT  ATAAACATCC  TTTGAAGAAG  AAATAAGAA  GCATTTGCAA  2220
35  ATTTCTCTTC  TGGATATTTT  GTTTATTTT  TCTGAAGTCC  AAAAAATTAT  CATTACAGTG  2280
TACCATATTA  AGCCATGTGA  ATAAGTAGTA  GTCATTATTT  GTGAAAAATT  CCCAAAAAGC  2340
TGGGGAAAC  AAATGTGTAA  CTTTTCCAGT  TACTTGACAC  GATTCAAGTG  GGGAAACCA  2400
GCATTTTTTA  TTCTATTGAT  ACCAAAGCAT  TTCTAATAAG  AGCTTGTTAA  ATTTAAGAAT  2460
AAAGTTATTT  AAAATATTCT  GAGTATAGTA  TATTAAGTGG  CATGTGAATT  TTGATGATAC  2520
40  AAAGATTGAA  AGATCATAGG  AAAGCATTC  CCTTCATCAC  AGAAGTATTC  AACTCTGACA  2580
AATAAATATG  TCATCCTGAA  TTAATAATGC  CTTAATAAAA  GTACATCCTC  CTGCTAAAAA  2640

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 534:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1245 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 534

TGCAGCGCGT GCGTGCTGCG CTA CTGAGCA GCGCCATGGA GGACTCTGAA GCACTGGGCT 60  
TCGAACACAT GGGCCTCGAT CCCC GGCTCC TTCAGGCTGT CACCGATCTG GGCTGGTGC 120  
10 GACCTACGCT GATCCAGGAG AAGGCCATCC CACTGGCCCT AGAAGGGAAG GACCTCCTGG 180  
CTCGGGCCCC CACGGGCTCC GGGAAGACGG CCGCTTATGC TATTCCGATG CTGCAGCTGT 240  
TGCTCCATAG GAAGGCGACA GGTCCGGTGG TAGAACAGGC AGTGAGAGGC CTTGTTCTTG 300  
TTCCTACCAA GGAGCTGGCA CGGCAAGCAC AGTCCATGAT TCAGCAGCTG GCTACCTACT 360  
GTGCTCGGGA TGTCCGAGTG GCCAATGTCT CAGCTGCTGA AGACTCAGTC TCTCAGAGAG 420  
15 CTGTGCTGAT GGAGAAGCCA GATGTGGTAG TAGGGACCCC ATCTCGCATA TTAAGCCACT 480  
TGCAGCAAGA CAGCCTGAAA CTTCTGACT CCCTGGAGCT TTTGGTGGTG GACGAAGCTG 540  
ACCTTCTTTT TTCTTTTGGC TTTGAAGAAG AGCTCAAGAG TCTCCTCTAG TCACCTGCCC 600  
CGGATTTACC AGGCTTTTCT CATGTCAGT ACTTTTAACG AGGACGTACA AGCACTCAAG 660  
GAGCTGATAT TACATAACCC GGTACCCTT AAGTTACAG AGTCCCAGCT GCCTGGGCCA 720  
20 GACCAGTTAC AGCAGTTTCA GGTGGTCTGT GAGACTGAGG AAGACAAATT CCTCCTGCTG 780  
TATGCCCTGC TCAAGCTGTC ATTGATTCCG GGCAAGTCTC TGCTCTTGT CAACACTCTA 840  
GAACGGAGTT ACCGGCTACG CCTGTTCTTG GAACAGTTCA GCATCCCCAC CTGTGTGCTC 900  
AATGGAGAGC TTCCACTGCG CTCCAGGTGC CACATCATCT CACAGTTCAA CCAAGGCTTC 960  
TACGACTGTG TCATAGCAAC TGATGCTGAA GTCCTGGGGG CCCCACGTCA ACGGGCAATG1020  
25 CGACCCCGGC GACGAGCCAA AACGGGGACA ATGGCCTCTC GATTCTTGGA ACGCACGCTC1080  
GTGGCCCTGG GGCAC TAGAC CTTCCACCAT CGTGTCTGCA TGTGCTCAAC TTTTGATCTT1140  
CCCCCCCAAC CCCTGAGGCC TAACATCCAT CGAGCTTGGC AGGACAGCAA CGCGCTAACA1200  
ACCCAGGGCA TAGGTCTTAA CCTTTGGTGC TTTCCACGG AGGCG 1245

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 535:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 822 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 535

AAGATCGGTC TTTGTCTTA TCCTTATCCT TATTCTAATG GCAGTTAGAT GCNNTTCTTT 60  
55 AGAGGGGGCA ATGAGACAGC CAGGTGGGAA GGGGTCCCCA GAGAACTCC AGCCTGCACA120  
CTGGGAGGAG TGTGCACTGG GGTGAAGCCA CCGGAAGTTT GCGCATCTC CAGTGGGGAA180

```

GAGCCCAGCC CCTCCTCTTC CTGGGTGGGA AACTGCGATT CAAACTGCCA GGTGGGAAGT240
CCATGGGCAG GAAACAGGCT CTCGNTTTC TAAGAGTCTC TGTTTCCCC TTTTTCCTT300
TATGCCCTAAT TAATAAATTC CATTTTCTC ACCCTTCAAA CAGCCTGTGA GCCTAAATTT360
TTGTGGCCAT GGGACAGACA AGGACCCCGT CTTCAGCTGA ACTAAGGAGA AAGTCCCCAA420
5 ACAATGGGAA GAAAGGCAGG GAGTAGACAT CCAATTTCCT GCGTGGATT GTGGAGGGT480
ACCATGGTTC TGACCAGATG TGTATCAGGA GCTGTGTTGC AGGAAGTCTC AGGAATGAAG540
TTGATAGCTT TCTTCCATC ACATGATGAC TGAAAAGACG AAGGCATCTA ATGAGTTAGA600
GTCACACCAT CTCATGCCTG TATACTATCA ACAAACCTTT GGGAGCTAG CCTTGGTTGG660
GAAAACATCA TTTCTTAACT GAATGCCTGG ATGCAAGCAA AGTCTCATT TGTATCATGA720
10 TGAGGTTTAC CATGCTTCT TGACAGGATC CTGCAAACAA ACCACAATT GCTACTATGA780
CATGCAACTC CATGGTTAAT TCCTTGGATA GCAATAGCT CG 822

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 536:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2703 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 536

```

AGTTCGGCAC AGGGGGAGGA ACCTGGCCCT GGGAGGAGGC TGTTCGTGTC TCCTAGAGAA 60
TCCCGTTCTG AAGGGAAGAG CATGTTTGCG GCGTCCCCA CCATGCGTGA GAGTCCCCC 120
AAACAGTACA TGCAGCTCGG AGGCAGGGTC TTGCTGGTTC TGATGTTTAT GACCTCCTT 180
40 CACTTTGACG CCAGCTTCTT TTCTATTGTC CAGAACATCG TGGNGCACAN GCTCTGATGA 240
TTTTNAGTGG CCATTGGTTT TAAAACCAAG CTGGCTGCTT TGAATCTTGT TGTGTGGCTC 300
TTTGCCATCA ACGTATATTT CAACGCCTTC TGGACCATTC CAGTCTACAA NGCCCATGCA 360
TGACTTCCNT GAAATACGAC NTTCTTCCAG ACCATGTCGG TGATTGGGGG CTTGCTCCTG 420
GNTGGNTGGC CCTGGGCCCT NGGGGGTGTC TCCATGGATG AGAAGAAGAA GGAGTGGTAA 480
45 CAGTCACAGA TCCCTACCTG CCTGGCNTNA AGACCCNGTN GGCCGTCAAG GNACTGGNTT 540
CNGGGGTGGA TTCAACNAAA ANCTGNCCAG CTTTNNATGT ATCCTCTTCC CTTCCCTCC 600
CTTGGTAAAG GCACAGATGT TTTGAGAANC TTTATTGCA GAGACACCTG AGAATNCGAT 660
GGNCTCAGTC TGCTCTGGAG CCACAGTCTG GCGTCTGACC CTTCAGTNGC AGGCCNAGCC 720
TGGCANGCTG GNAAGCCNTC CCCCACGCC GAGGCTTNG GNAGTGAANC AGNCCCGCTT 780
50 NGGNCTGTGG CATNTCAGT CCNTATTTT GAGTTTTTT GTGGGGGTAN NCAGGAGGGG 840
GCCTTCAAGC TGTACTGTGA NGCAGACGCA NTTGGTATTA TCATTCAAAG CAGTCTCCCT 900
CTTNATTGTT AAGTTTNACA TTTTNNAGC GGAACTACT AAATTATTTT GGGNTGGTTC 960
AGCCAAACCT AAAAACAGTT AATCTCCNT GGNTTNNAAA ATCACACCAG TGGNCTTTNG1020
ATGTTGTTTC TGCCCCGAT TNGTATTTA TAGGNNAATA GTGAAAACAT TTAGGNACAT1080
55 CCAANAGAA TGATNGCAGT ATTAAGGGG TGGTAGAAGC TGCTGTTAT GATAAAGATC1140
ATCGGTCAGA AAATCAGCTT GGATTNGGTG CCAAGTGNNT TTTTATTGGG TAACACCTG1200
GGAGTTTTAG TAGCTTGAGG CAAGGTGGAG GGGCAAGAAG TCCTTGGGGA AGCTCTGCT1260
CTGGGTNGCT NGCTGGCCTC CAAGCTGGCA GTGGGAAGGG CTAGTGNAGA CCACACANGG1320

```

5 GGTAGCCCCN AGCAGCAGCA CCTGCAANG CCAGCCNTGG CCNAGCTNNG CTCNAGACCA1380  
 GCNTTNGCAG ANGCCGCAGN CCGCTGTNNG GGCANGGGGG TGTNGGCAGG AGCTCCCNAG1440  
 CACTNNGNAG ACCCAGCGAC NTCAACCCAG TTNACCTCAC ATGGGGCCNT TTTCNTGAGC1500  
 AAGGTCTNCG AAAGCGCAGG CCGCCCTGGN CTGAGCAGCA CCGCCCTTTC CCAGCTGCAC1560  
 10 TCGCCCTGTG GACAGCCCCG ACACACCANC TTTCTTNGAG GCTGTCGCTC ACTCAGATTG1620  
 TCCGTTTGCT ATGCCGAATG CAGCCAAAAN TTCCTTTTTC CAATTTGTGA TGCCTTACCG1680  
 ATTTGATCTT AATCCTGTAT TTAAAGTTTT CTAACACTGN NCCTTAAACT GTGTTTCTCT1740  
 TTTTGGGGGA GCTTAACTGC TTGTTGCTCC CTGTCGTCTN GCACCATAGT AAATGCCACA1800  
 AGGGTAGTCG AACACCTCTC TGGCCCCTAG ACCTATCTGG GGACAGGCTG GCTCAGNCTG1860  
 15 TCTNCCANGG CTGTCTGCGG CCCAGCCCCG AGCCTGCCTC CCTCTTGGNC CTCTCATCCA1920  
 TTGGNCTCTG CAGGGCANGG GGTGAGGCAG GTTCTTNGCN TCATAAGTGC TTTTNGGAAG1980  
 TCACCTACCT TTTTAACACA GCCGAACCTAN GTCCCAACGC GNTTTGCAAA TATTCCCTN2040  
 GGTAGCCTAC TTNCCTTANC CCCCGAANTA TTGGTAAGAT CGAGCAATGG NNCTTCAGGA2100  
 NCATNNGGGT CTCTTCTCCT GTGATCATTN CAAGTGCTCA CTGCNATNGA ANGACTNGGC2160  
 20 TTGNTCNTCA GTGTTTCNAA CCTNCACCAG GGCNTGTCTC TTGGTCCACN ACCTCGCTCC2220  
 CTGTTAGTGC CGTATGACAG CCCCCNATCN AAATGACCTT GGCCNAAGTN CACNGGTTTC2280  
 TCTGTGGTNC AAGGTTGGTT GGCTGATTGG TGGAANGTN AGGGTGNGAC CNAAANGGAG2340  
 GNCCACGTGA NGCAGNTCNA GCACCANNGT TNCTGCANCC AGCAGCNGCC TCCGTNCTA2400  
 GTGGGTGTTN CCTNGTTTCN TNCCTGGCCC NTGGGTNGGG CTNAGGGNCC TGATTCCGGN2460  
 25 AANGATGCCT TTGNCANGG AGGGGAGGAN TAAGTGGGAT CTACCNAANT TNGATTCTGG2520  
 CAAAACAANT TTCTAAGANT TTTTTTGCTT TATGTGGGNA AACAGATCTA AATCTCATTT2580  
 TATGCTGTAT TTTATATCNT TNAGTTGTGT TTGAAAACNG TTTNTGATTT TTGGAAACAC2640  
 ATCAAAATAA ATAATGGCGT TTGTTGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA2700  
 AAA 2703

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 537:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2664 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 537

50 CTCCAGGGA GTGCTGAGTA GTGATGGTGT CTGGAGGGTC AAATCCATTC CCAATGGCAA 60  
 AGGTTCTCTA CCACTCCCCA CCGCTACAAC TCCAAAACCA CTTATCCCTA CAGAGGCCAG 120  
 CATCAGGGTC TGGGGCACGA GCGGCACGAG CCATCTCCAT CCCCAGGACA TCTGTATGAT 180  
 TCAGAAGTAC AACCACGATG GGAAGCAGG TCGGCTGGAG GCTTTTAGCC AAGGGGAAAG 240  
 TGTCCTAAAG GAACCAAGT ACCAGGAAGA GCTGGAGGAC AGGCTGCATT TCTACGTGGA 300  
 55 GGAATGTGAC TACTTGACAG GCTTCCAGAT CCTGTGTGAC CTGCACGATG GCTTCTCTGG 360  
 GGTAGGCGCG AAGGCGGCAG AGCTGCTACA AGATGAATAT TCAGGGCGGG GAATAATAAC 420  
 CTGGGGCCTG CTACCTGGTC CCTACCATCG TGGGGAGGCC CAGAGAAACA TCTATCGTCT 480  
 ATTAAACACA GCTTTTGGTC TCGTGCACCT GACTGCTCAC AGCTCTCTTG TCTGCCCCCT 540

5 GTCCTTGGGT GGGAGCCTGG GCCTGCGACC CGAGCCACCT GTCAGCTTCC CTTACCTGCA 600  
TTATGATGCC ACTCTGCCCT TCCACTGCAG TGCCATCCTG GCTACAGCCC TGGACACAGT 660  
CACTGTTTCT TATCGCCTGT GTTCCTCTCC AGTTTCCATG GTTCATCTGG CTGACATGCT 720  
GAGCTTCTGT GGGAAAAAGG TGGTGACAGC AGGAGCAATC ATCCCTTTCC CTTGGGCTCC 780  
AGGCCAGTCC CTTCCTGATT CCCTGATGCA GTTTGGAGGA GCCACCCCAT GGACCCCACT 840  
GTCTGCATGT GGGGAGCCTT CTGGAACACG TTGCTTTGCC CAGTCAGTGG TGCTGAGGGG 900  
GTATAGACAG AGCATGCCAC ACAAGCCACA GAACCAAAGG GACACCTCCA CCCTCTGCCC 960  
TTCATGCATG TACCACTGGG GAAGAAATCT TGGCTCAGTA TTTACAACAG CAGCAGCCTG1020  
AAGTCATGAG TTCTTCCCAT CTGCTGCTGA CTCCTGTCAG GGTGGCTCCT CCTTACCCCC1080  
10 ACCTCTTCTC AAGCTGCAGT CCACCGGGTA TGGTTCTGGA TGGTTCCCCC AAGGGAGCAG1140  
GTCCTCTGTT TCCCTCTCCC TTCCACAGCA GTGGAGAGCA TCCCAGTGTT TGGGGCACTG1200  
TGTTCTCTCT CGTCCCTGCA CCAGACCCTG GAAGCCTTGG CCAGAGACCT CACCAAATC1260  
GACTTGCGGC GCTGGGCCAG CTCATGGAT GCTGGAGTGG AGCACGATGA CGTAGCAGAG1320  
CTGCTGCAGG AGCTACAAAG CCTGGCCCAG TGCTACCAGG GTGGTGACAG CCTCGTGAGC1380  
15 TAAAGTTCCC AGTGTGGGAG AAAGGAGCTA GTTTGCAATA AAAACAGCTG GATGCAGGAG1440  
CCCAGTGCTC TCATGCAGAG GAGCTCAATG TCGCGGGACT AGCTACACCA ACATATGCAC1500  
TTTTTACATT TAGAAACACT GTGATTAGAC CACAGAACAA TAAATATGTG CCATCAGACC1560  
AAAAAAAAGT AGAGAAAGGA GCTGAACCTC ACTCTCGATG CTATTTACAG AGGACATCTG1620  
TAAAGTCTTC ATAAAAAGACC TTGAATGATG CCTAGGATGG CAGAGCCCCC GGGTCTCTACT1680  
20 CCATCCTCCA GCCTTTGTCC TTGTCTGGC CTCTGCTCT CCAGATCTGT AAAGTGGGCT1740  
CAAGGACTGT ACAAGCAGAG TACAACCTACC CCTCCCCCG TGCCAGGGCG CCTGTTGGGT1800  
TTGGTCTCTG GTAGATGATT CCCAGAGTCT CATTCATCCA GCTCCTCTTC AGACAGAAGG1860  
TCCCCATGGT CAGACAGCTG GTCTGCATTG CTGGTACTGG TTGCATCATC CTCATCTCA1920  
GAGCTGGCTT CACAGGCAGT GTGGAAGAGC TGCATGAGTT CTGAAAACG GTGGGAAACC1980  
25 TCAGCAGGGG TCTTATTTCC CAGCTGCTGG GAGATGATGT TGAAGGTCTG TGGCTGTGCC2040  
CCTTGCTCCT GGCACATGGT GAGGATCACA CGGTGAGCTT CCCTTGTTCCA CAGGACAACC2100  
TTTTCCCCAG TGGAGCTGAC CTGCTGTTG TTGGCACACA CCGTAGCTTC TCGGGCCTTT2160  
GGCTGCTGCT CCCCCTCTGG ACCCTTGGCC TGTGTTCCAC TGTCTTTAGC CAAACCCCT2220  
CTAGGGGCTT TGGGAGAAGT CTCTGAGGTG TCAATTCCCT ATGGAGATTC ATGGACAGGG2280  
30 CACGTCTCTG CTCTTGCTCT CACCCTAGCT CTGCTTGAGG GCAGCCATCT CTCTTGAGTG2340  
TCTGCTTTCC CGGACACATG TCTTCTCCT GCATCTCTGG TCTTTGAGGA AACAGGACTC2400  
AGGAAGGAAG CAGGGGGTTC CACGGTACCA GGCAATTTCT CAGTTTCTGA TGCATCCCAG2460  
ACCAGCATCA AAGCCTCTGA CTCACTCACT GCCTTTTGGC CCTCCCTCTC TTTCTGAAGT2520  
CTGGGGGATG CCTTGGGGCA GGAGCGAACC TCAGGCCCAA CCTGGTTTCT CTTAACAGTG2580  
35 TACAGTACAG CTCCAGTTGT GGGGGGAAAT TGAGGAGTCT CTGGTGAATG AGGTGGTGGG2640  
CCATCCAGGA GGAGCCGTTC TGTA 2664

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 538:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3888 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
55 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 538

```

5 GAATTCCCGC CCGGACTGAC GGAGCCCACT GCGGTGCGGG CGTTGGCGCG GGCACGGAGG 60
  ACCCGGGCAG GCAGCGCAAG CGACCCCGAG CGGAGCCCCG GAGCCATGGC CCTGAGCGAG 120
  CTGGCGCTGG TCCGCTGGCT GCAGGAGAGC CGCCGCTCGC GGAAGCTCAT CCTGTTTCATC 180
  GTGTTCTGCG CGCTGCTGCT GGACAACATG CTGCTCACTG TCGTGGTCCC CATCATCCCA 240
  AGTTATCTGT ACAGCATTAAG GCATGAGAAG AATGCTACAG AAATCCAGAC GGCCAGGCCA 300
  GTGCACACTG CCTCCATCTC AGACAGCTTC CAGAGCATCT TCTCTATTA TGATAACTCG 360
10 ACTATGTCFA CCGGGAATGC TACCAGAGAC CTGACACTTC ATCAGACCGC CACACAGCAC 420
  ATGCTGACCA ACGCGTCCGC TGTTCCTTCC GACTGTCCCA GTGAAGACAA AGACCTCCTG 480
  AATGAAAACG TGCAAGTTGG TCTGTGTTT GCCTCGAAAG CCACCGTCCA GCTCATCACC 540
  AACCCCTTCA TAGGACTACT GACCAACAGA ATTGGCTATC CAATTCCCAT ATTTGCGGGA 600
  TTCTGCATCA TGTGTTGCTC AACCAATTATG TTTGCCTTCT CCAGCAGCTA TGCCTTCCTG 660
15 CTGATTGCCA GGTGCTGCA GGGCATCGGC TCGTCCTGCT CCTCTGTGGC TGGGATGGGC 720
  ATGCTTGCCA GTGCTACAC AGATGATGAA GAGAGAGGCA ACGTCATGGG AATCGCTTG 780
  GGAGGCTGG CCATGGGGT CTTAGTGGGC CCCCCCTTCG GGAGTGTGCT CTATGAGTTT 840
  GTGGGGAGA CGGCTCCGTT CCTGGTGCTG GCCGCCCTGG TACTCTTGGA TGGAGCTATT 900
  CAGCTCTTTG TGCTCCAGCC GTCCCGGGTG CAGCCAGAGA GTCAGAAGGG GACACCCCTA 960
20 ACCACGCTGC TGAAGACCC GTACATCCTC ATTGCTGCAG GCTCCATCTC CTTTGCAAC1020
  ATGGGCATCG CCATGCTGGA GCCAGCCCTG CCCATCTGGA TGATGGAGAC CATGTGTTCC1080
  CGAAAGTGGC AGCTGGGCGT TGCCTTCTTG CCAGCTAGTA TCTCTTATCT CATTGGAACC1140
  AATATTTTGG GGATACTTGC ACACAAAATG GGGAGGTGGC TTTGTGCTCT TCTGGGAATG1200
  ATAATTGTTG GAGTCAGCAT TTTATGTATT CCATTTCCAA AAAACATTTA TGGACTCATA1260
25 GCTCCGAAC TGGAGTTGG TTTTGCAAT GGAATGGTGG ATTCGTCAAT GATGCCATC1320
  ATGGGCTACC TCGTAGACCT GCGGCACGTG TCCGTCTATG GGAGTGTGTA CGCCATTGCG1380
  GATGTGGCAT TTTGTATGGG GTATGCTATA GGTCTTCTG CTGGTGGTGC TATTGCAAAG1440
  GCAATTGGAT TTCCATGGCT CATGACAATT ATTGGGATAA TTGATATTCT TTTTGGCCCT1500
  CTCTGCTTTT TTCTCGAAG TCCACCTGCC AAAGAAGAAA AAATGGCTAT TCTCATGGAT1560
30 CACAACGCTC CTATTAAAC AAAAATGTAC ACTCAGAATA ATATCCAGTC ATATCCGATA1620
  GGTGAAGATG AAGAACTCTGA AAGTGACTGA GATGAGATCC TCAAAAATCA TCAAGGTGTT1680
  TAATTGTATA AAACAGTGT TCCAGTGACA CAACTCATCC AGAACTGTCT TAGTCATACC1740
  ATCCATCCCT GGTGAAAGAG TAAAACCAAA GGTTATTATT TCCTTTCCAT GGTATGGTCT1800
  GATTGCCAAC AGCCTTATAA AGAAAAAGAA GCTTTTCTAG GGGTTTGTAT AAATAGTGT1860
35 GAAACTTTAT TTTATGTATT TCATTTTATT AAATATCATA CAATATATTT TGATGAAATA1920
  GGTATTGTGT AAATCTATAA ATACTTGAAT CCAAAACCAA TATAATTTT TAACCTACAT1980
  TAACAAACAT TTGGGCAAAA ATCATATTGG AATGAGTGT TTAATAATTAA AGCACACATT2040
  ATCTCTGAGA CTCTTCCAAC AAAGAGAAAC TAGAATGAAG TCTGAAAAAC AGAATAAGT2100
  AAGACAGCAT GTTATATAGT GACACTGAAT GTTATTTAAC TTGTAGTTAC TATCAATATA2160
40 TTTATGCGTT AAACAGCTAG TTCTCTCAAG GTAGAGGAC AAGAACTTGT GTCAGTTATC2220
  TTTTGAATCC ATAAATCTTA GCTGGCATTG GTTTTCTATG TAATCACCTA CCTAGAGAGA2280
  GTTGTAATAT ATATGTTAAC ATGTATCTG GTTGGCAGCA AACACTAAAG CCAATAAAGG2340
  AAAACAGTA AATGTTCCGA AAGCAGAGAA AAGCAACCAA ACATATTGTT ATGAACTAAA2400
  AGCTTTCCCT TTAAGATGCA TACTTGCTCT ACTGGATGAA GAAAATTGAG GGTACATGTA2460
45 CCTTATACTG TCAAGGTGT TTAACATGA TAAGGTAAAT CGCCATCTAC TTCAAGTTT2520
  AGAAAAGGAA ACAAGAAGCT AAAAACAGCT GCTCTGACTT TAATATCTGA CTATATCTTT2580
  GATCTGTTTG CAGGTCATCC AAGTGTTTTC TAGGAATATA TTTATTTTAG GTTGTCTGAA2640
  ACTACTATTT TTTAGACTCC TGAAAGTTGT TCACATCAAT GTGAAGACAA ATTTTAAATG2700
  AAAATGAAGA ATGAAATTAT GTCTTGAATC ATATATTAAG AAGTAAAAAT AATAGTGATC2760
50 AGGCAGAAAA GAAAAATGGA ACATCTAAAA ATGTATGTGC TAATATATC ATCCAGTGTG2820
  CAGTGTGTGT TATTTTCTA AGCATGACAA CATTGATGTG CCTTTTCAGT GTAACAGCAA2880
  ATACTGTTAG TGAACATTGT CAATTTATGT CATTGTTTGA AGAGATATGA CTGGAGTGTG2940
  CAGTGTGGAA TGTCTTAAT ACTACTTGAG AATCCTGCAG TTCTATAATC ATAAACAAAA3000
  ATTACTTAGT TTCGTTAAGC TAAGATTGTG TTTGTGTTAA CTTCGACATC AAGGAGCAAA3060
55 GAACCTTTAGA ACAGACTCCT CAATCTTGTG ACTTCTTAT TCTCTAGGAA AGTAACACTT3120
  CGTTTCATGA AGCTTTTCTG TGGGGCTTCG ATTATTTCAA GTCTGGTTTC TAAGTGCAGT3180
  GTGTTTGAAG CAAACGAACT TCCAACTCAC TTATTTGGCA TTGGGCAACT TGGCCAAGTC3240
  TGCTACTTTG GAAGATGGCT CTGGAGGAAA CTCTCATATG GCTAAAAAGG CAGGCTAGTT3300
  TCTTACTTCT ACAGGGGTAG AGCCTTAAAA AAGAAGGTGC TACAAATTGG TTCTCTTTGA3360
60 GGGTTTCTGG TTCTCCCTGC CCCCATAACC ATATACTTTA TTGCAATTTT ATTTTTCCT3420
  TTACGGCTCT GTGTCTTCT GCAAGAAGGC CTGGCAAAGG TATGCCTGCT GTTGGTCCCT3480
  CGGGATAAGA TAAAATATAA ATAAAACCTT CAGAACTGTT TTGGAGCAAA AGATAGCTTG3540

```

TACTTGGGGA AAAAAATTCT AAGTTCTTTT ATATGACTAA TATTCTTGGT TAGCAAGACT3600  
 GGAAAGAGGT GTTTTTTTAA AATGTACATA CCAGAACAAA GAACATACAG CTCTCTGAAC3660  
 ATTTATTTTT TGAACAGAGG TGGTTTTTAT GTTTGGACCT GGTAATACAG ATACAAAAAC3720  
 TTTAATGAGG TAGCAATGAA TATTCAACTG TTTGACTGCT AAGTGTATCT GTCCATATTT3780  
 5 TAGCAAGTTT ACTTAATAAA TCTTCTGAAC CATGTTTGT GCCTGTTTGT ATTCTTTAT3840  
 AAACCAAATG TTGTTGGAAT AAAATACATA AGGTATCATT TTGACCGT 3888

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 539:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 539

AAACCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60  
 AGAGTGCAGC GGCAGGCCTG GGGATGGCCT CGGAGAGAGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120  
 ATGGAAGTTC CTTCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180  
 35 AATTTTCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTCACGC 240  
 TGATGCCCGT GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300  
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCGCTTCC 360  
 GCCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420  
 GCTCCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480  
 40 GCCAGGCGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540  
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600  
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660  
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720  
 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780  
 45 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840  
 TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900  
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GGCAGGCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960  
 TGGTGAACGA GAACCCGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020  
 AGAACTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080  
 50 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCTGCCCGC1140  
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200  
 TGCTAGCGC CTCCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGCTCC1260  
 CCACTCACGG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG1320  
 CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380  
 55 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440  
 TCATTTAACT CAAAACGGAA ACACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500  
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTTTGGAA CTGTGCCTGG GTTGAGGTC1560  
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620

CGGAGGCCGC GGTCTGAAC TCTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC1680  
 AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTCGTTT CTCCATCCG ACCTCGTTTC1740  
 TTTTCTTTCC TATGTCTTT TGTTCAGTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800  
 CCCTATGCCT CACCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCC1860  
 5 AGGTCACCCC CTTTCTTCC CAACTTGGT GCCTTGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920  
 ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980  
 GCCCCGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040  
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100  
 TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160  
 10 AAAGCAGTTT CCTTCTTAT AAAGTGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220  
 TGTAGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGCTGGT2280  
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340  
 CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCCTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400  
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460  
 15 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCAGTGG GAGTTTGTCA GGCTCTTCTC TGTGGAACT2520  
 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGAC TCCAGGTGA AGGCAGAGTG2580  
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTACA2640  
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTACCCCC GACCCCCACC CTCCTCCTA CCCCACCCCG2700  
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760  
 20 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820  
 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880  
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940  
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT3000  
 CATTGTCTT GATGTCCAGG CTGGGTCTAT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060  
 25 GGAATTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120  
 ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTAATTTAAA3180  
 GCTCACCTTT TTTCTTCCC TCTCTGTTG CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTC3240  
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300  
 GGAT 3304

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 540:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 863 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 540

CAGGATTGAA ACAAGATGGC GGGTTCGTGG TGAGAAGCCG TCAAGGAGTA GAAATTGGTA 60  
 TGCTTAGAAG CAGATTCTAA AAGCAGTTTC TCTTCAGAAC ATCTTTTTC ATACCACTTG120  
 ATAAGCATCT TGAAACACCA TGGCTGTAGC TGCAGTAAAA TGGGTGATGT CAAAGAGAAC180  
 TATCTTGAAA CATTATTTTC CAGTCCAAAA TGGAGCTTTA TATTGTGTTT GTCATAAATC240

TACGTATTCT CCTCTACCAG ATGACTATAA TTGCAACGTA GAGCTTGCTC TGACTTCTGA300  
 TGGCAGGACA ATAGTATGCT ACCACCCTTC TGTGGACATT CCATATGAAC ACACAAAACC360  
 TATCCCTCGG CCAGATCCTG TGCATAATAA TGAAGAAACA CATGATCAAG TGCTGAAAAC420  
 CAGATTGGAA GAAAAAGTTG AACACCTTGA GGAAGGACCT ATGATAGAAC AACTTAGCAA480  
 5 AATGTTCTTT ACTACTAAGC ACCGTTGGTA TCCTCATGGA CGGTATCACA GATGTCGTAA540  
 GAATCTGAAT CCTCCAAAAG ACAGATGATG CGGAGGTTCC TGGGGGAATC AAAGAGAAAT600  
 GTGCCCTCATT TGCCATTTGA GAAAATGCAG TCTGGTGTAT TCAGTAATAT ATAGTAAAGT660  
 AATAATGATA AAATATCTTT TCATATATTA GAATGTGTAC TTTTATATAA AGTAATTCTG720  
 GATTTGACAT TCTCATTTAG AGAGACCTAT TCCTTTTTTC GTTTTCTATT TTAGTGTTC780  
 10 ATTTATGTGC GGTCTCCAAT TTAGGACTTT TCCATAGTGC CAAAGCCATA CATATTCAGT840  
 AGAACATCAA TAAAAA AAA 863

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 541:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 30 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 541

ACCGACGGCC GCCCCTTTTC GTCTTTTTTT TTTTACATT TCAAATATAT TTTATTACTT 60  
 TCCATCTTAG AAAGAATATG AAACCTGCAT GCAATGCTAA TGGTTTCTGA CATGTACATA 120  
 GCATATAACA CAGCAGTACA ATGCGGCATA TACTGGGGGG CAGTGTGTGG AGGGGGCGTT 180  
 40 CTTAAGGGTA TATGTACAGA GGAAAGGGCG CATGGTCATC TTAGCTTTTCG AAAGAGGACT 240  
 GCACTGTTTA ACATTGAAGA ATTACATGGG GAATCACAAA TATATTGCTT TAGTACTGCA 300  
 TGTCTGTGTG TGGTGAGGGA AAGAAACATG CTTTGAAGGT TTTCCCTTGT CAACAGAATG 360  
 TGTGTCTGTA GCTGTGTATT GCGCATGTAT TCATATATTT TTAAGTTTTT TCCTAAGGTT 420  
 TTTGCTGACA GTGTTGGGAA CCTCACATGC TTCTGAAGCA TTAAATATTG AACCTGTGAA 480  
 45 CCTTTCAGAA ATCCTCAGGT TGGGAAAGAC CCCACACCTT CTTTAAGGAT CATTTGTCTC 540  
 GCCATCACAG GATCTTGGAA ATGTTTCCTA GGGTGTGTAA AAATTAACCA GGGGGGAATG 600  
 AAGCACATTT TTCTGGCAAC CAAACTTGAG TTCCTCAGAG AACAGATGCA GAGAGACCTG 660  
 CTCCTGCTTG CCCGGCTACA GGGGCCACTG TGGAGTCACA CTGAGGCTGT GACCGGCCAT 720  
 AAGCCCAGGA GAGCCCGTGG CAGCTGTGCC GAGGCGCCAG GACCTCTAAG CGGAAGCTTC 780  
 50 CCAAGCTAGG AATGGAGCAA CACTGCAATG AAATGTGTCC ACCAAGCTCA TTGTTCTCTC 840  
 CGGGCGCTTA TAAAGCTCAG ATGTATAGTG ACGTATGGAC AAATACAAAA AAAAAAAAAA 900  
 AAAAAAAAAA AAAAAAGCC TTTCTTTCTC ACAGGCATAA GACACAAAT ATATATTGTT 960  
 ATGAAGCACT TTTTACCAAC GGTCAGTTTT TACATTTTAT AGCTGCGTGC GAAAGGCTTC1020  
 CAGATGGGAG ACCCATCTCT CTTGTGCTCC AGACTTCATC ACAGGCTGCT TTTTATCAAA1080  
 55 AAGGGGAAAA CTCATGCCTT TCCTTTTTAA AAAATGCTTT TTTGTATTG TCCATACGTC1140  
 ACTATACATC TGAGCTTTAT AAGCGCCCGG GAGGAACAAT GAGCTTGGTG GACACATTC1200  
 ATTGCACTGT TGCTCCATTC CTAGCTTGGG AAGCTTCCGC TTAGAGGTCC TGGCGCCTCG1260  
 GCACAGCTGC CACGGGCTCT CCTGGGCTTA TGGCCGGTCA CAGCTCAGT GTGACTCCAC1320

AGTGGCCCT GTAGCCGGGC AAGCAGGAGC AGGTCTCTCT GCATCTGTTT TCTGAGGAAC1380  
TCAAGTTTGG TTGCCAGAAA AATGTGCTTC ATTCCCCCTT GGTTAATTTT TACACACCCT1440  
AGGAAACATT TCCAAGATCC TGTGATGGCG AGACAAATGA TCCTTAAAGA AGGTGTGGGG1500  
TCTTTCCCAA CCTGAGGATT TCTGAAAGGT TCACAGGTTT AATATTTAAT GCTTCAGAAG1560  
5 CATGTGAGGT TCCCAACACT GTCAGCAAAA ACCTTAGGAG AAAACTTAAA AATATATGAA1620  
TACATGCGCA ATACACAGCT ACAGACACAC ATTCTGTGTA CAAGGGAAAA CCTTCAAAGC1680  
ATGTTTCTTT CCCTCACCAC AACAGAACAT GCAGTACTAA AGCAATATAT TTGTATTCC1740  
CCATGTAATT CTTCAATGTT AAACAGTGCA GTCCTCTTTC GAAAGCTAAG ATGACCATGC1800  
GCCCTTTCCT CTGTACATAT ACCCTTAAGA ACGCCCCCTC CACACACTGC CCCCAGTAG1860  
10 TACGCAGGCA TTGGTACCGG CTGGTGTAA AATGGCTATG GGACATGGTC AGGAAACCAT1920  
TTAGGCATTG GCATTGAGGG TTCCATAATC CGTTTCTAAG GA 1962

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 542:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1772 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
30 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 542

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60  
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCTCCTCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120  
GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180  
40 GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240  
CCGCTGCGCG CGAGCCCGGT GTCCCCACGG CGGGCAGCAG CGCCGGCGGC GCGCGGTGAA 300  
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360  
CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAG GCCGCAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420  
CCCCAGCAAC TTCTCTGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480  
45 CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540  
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGACTT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600  
GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660  
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720  
TTTATAAACA AGGTGCGTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780  
50 TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840  
TTGGCAAGAA GGGGCAAAAA CGTGACTATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900  
TAACCTTTAG CATGCTGCAC AGAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960  
ATGCTCAGTT TTGTTTGTG TTGGCAGTTT ACAAGAAGTT AATTTGCTTT AGTAAAAATC1020  
CCTCATTCAC GCCTTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTTAATGT GGTGCACACT1080  
55 ATAGCCTCAC AAACCTGTGA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140  
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200  
ATTTCTCTTT CCCCTTTTAA ATTTGTGATG TCACCTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260  
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320

TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380  
 TATAAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTTGT CTAAAAATTT AAGTTGTTTT1440  
 CAAATAAAAA TTAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTGCCTCC AGCTTTTTTT1500  
 GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560  
 5 TTCTCATTCC TGTAACCTCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620  
 ATTGAATGGG GTATTTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680  
 GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740  
 TTAAGGAC TTCAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1009 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 543

CTCGTGCGGT GATGTTGAGC AGAAGATACA ATTCAAAAGA GAAACAGCCA GTTTGAACT 60  
 35 GTTACCCAC CAGCCCCGAA TTGTGGAGAT GAAGAAAGGA AGCAATGGCT ATGGTTTCTA 120  
 TCTGAGGGCA GGCTCAGAAC AGAAAGGTCA AATCATCAAG GACATAGATT CTGGAAGTCC 180  
 AGCAGAGGAG GCTGGCTTGA AGAACAATGA TCTGGTAGTT GCTGTCAACG GCGAGTCTGT 240  
 GGAACCCCTG GATCATGACA GTGTGGTAGA AATGATTAGA AAGGGTGGAG ATCAGACTTC 300  
 ACTGTTGGTG GTAGACAAAG AGACGGACAA CATGTACAGA CTGGCTCATT TTTCTCCATT 360  
 40 TCTCTACTAT CAAAGTCAAG AACTGCCCAA TGGCTCTGTC AAGGAGGCTC CAGCTCCTAC 420  
 TCCCACTTCT CTGGAAGTCT CAAGTCCACC AGATACTACA GAGGAAGTAG ATCATAAGCC 480  
 TAAACTCTGC AGGCTGGCTA AAGGTGAAAA TGGCTATGGC TTTCACCTAA ATGCGATTCC 540  
 GGTCTGCCA GGCTCATTCA TCAAAGAGGT ACAGAAGGGC GGTCTGCTG ACTTGGCTGG 600  
 GCTAGAGGAT GAGGATGTCA TCATTGAAGT GAATGGGGTG AATGTGCTAG ATGAACCTA 660  
 45 TGAGAAGGTG GTGGATAGAA TCCAGAGCAG TGGGAAGAAT GTCACACTTC TAGTCTGTGG 720  
 AAAGAAGGCC TATGATTATT TCCAAGCTAA GAAAATCCCT ATTGTTCCCT CCCTGGCTGA 780  
 TGCCAGTTGA CAGCCCTGCA GGTCTAAAG AAGGAATAGT GGTGGAGTCA AACCATGACT 840  
 CGCATATGGC AAAAGAACGG GCGGCTATTG CAGACGGCTA ATTTATGCTT AACTTAGGAA 900  
 GAGATAAGGT TCCTTGAGCA CCAAAGATGA TTCATAACTC TGTATAGGTG ACAGCTGCTT 960  
 50 ATAAAGCAT CTTAGCAGAT AAGCCTATTA AAATTGTGCT TTTGTAACA 1009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55 (A) LÄNGE: 2834 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 544

20 CACTTTGCGG GCGGCACTTT TTCCAGGTTG TTAATCCAGC TAATGGAGAA GGATAGATGC 60  
ACGCTACTTG GTTTAGAAAA AAAAACAAAA ATGAGCAAAC GAGACGCCCC TTCCGTTTTA 120  
TGATAACTAA GCTGCAGGGA AATAAATCGG CTGGCCCTAC TGCAATCTAC TGCACTCGAG 180  
AAACATCACA GAAAATTCTT TGATTTATCT TAATAGTGAC AAGTGAGCCT GCTTCTGTCA 240  
ATTACTGAAG CTATAAGGAG ATTTTTTAAA AATTAACTT CAACACAATG AGGTGTTGCC 300  
25 ACATCTGCAA ACTTCCTGGG AGAGTAATGG GGATTCGAGT GCTTCGATTA TCTTTGGTGG 360  
TCATCCTCGT ATTATTACTG GTAGCTGGTG CTTTGGCTGC CTTACTTCCC AGTGTTAAAG 420  
AAGACAAGAT GCTCATGTTG CGTAGGGAAA TAAAATCCCA GGGCAAGTCC ACCATGGACT 480  
CCTTTACTCT CATAATGCAG ACGTACAACA GAACAGATCT CTTATTGAAA CTTTTAAATC 540  
ATTATCAGGC TGTACCAAAT CTGCACAAAG TGATTGTGGT ATGGAACAAT ATTGGAGAGA 600  
30 AGGCACCAGA TGAGTTATGG AATTCTCTAG GGCCCCACCC TATCCCTGTG ATCTTCAAAC 660  
AACAGACAGC AAACAGGATG AGAAATCGAC TCAGGTCCTT TCCTGAAGT GAAACCAATG 720  
CAGTGTGAT GGTAGATGAT GACACACTCA TCAGCACCCC AGACCTTGT TTTGCTTTCT 780  
CAGTTTGGCA GCAATTTCTT GATCAAATTG TAGGATTTGT TCCTAGAAAG CACGTCTCTA 840  
CTTCATCAGG TATCTACAGT TATGGAAGTT TTGAAATGCA AGCACCAGGG TCTGGAAATG 900  
35 GTGACCAGTA CTCTATGGTG CTGATTGGAG CCTCATTCTT CAATAGCAA TATCTTGAAT 960  
TATTTACAGG GCAACCTGCA GCTGTCCATG CTTTGATAGA TGATACTCA AACTGTGATG1020  
ATATTGCCAT GAATTTTATC ATTGCCAAGC ATATTGGCAA GACTTCAGGG ATATTTGTGA1080  
AGCCTGTAAA CATGGACAAT TTGGAAAAAG AAACCAACAG TGGCTATTCT GGAATGTGGC1140  
ATCGAGCTGA GCACGCTCTG CAGAGGTCTT ATTGTATAAA TAAGCTTGTT AATATCTATG1200  
40 ATAGCATGCC CTTAAGATAC TCCAACATTA TGATTTCCCA GTTTGGTTTT CCATATGCCA1260  
ACTACAAAAG AAAAATATAA AAGTAAAACA AACAAAAACA AACCTGAAAA CTGCTTGGCA1320  
TTTGAGTAGC TTCTCCATGC TATGTATTTT TTAAGCAAC ATCATGAATT TTATCTACTC1380  
CAGAAGTCTC TACAATAGAA AAAAAAGTGC AGTGCTTCTA GGATATAAAA TTCACATTAC1440  
TTTTGAAAGC CAAGAAGTTG GTCTTATCCA GTTAGGTCTT CTTATGAAGA GTTTTCATCC1500  
45 AGGGATATAA CTCCTTGGTC AGTGATTTTA TTGTTTACAT CCTGAGACTG TTCTACAGTT1560  
TCTTTGACTC CTGGCATTG CTTAAGGAC CTATAGCAAG CTGTTTCTAG GATCAGAAAC1620  
TCAAGAGAGG CATTTCTCTG CTTTTTCACT AAAGGTCAGT TGTTTTAATT TGAAACCTGA1680  
AATGCCCTCT TAGCAAAAGC CTGTGGTATG GGGTAAAGCC ATGTAAGAAG AGAATAGTCT1740  
CAGTCACATA TGAAGAGGAA AATTTCAGC TGCCAGTGCT TTCCTTGTGG CCCTGCCAAC1800  
50 CAGCTCTTCC AGGACGAACT CAGTCCAGCA TGGTTTTGAT GTAACCATCC ATGCTTTTAT1860  
TTTTGTAAAG TCTTTTGTGA CTGGGACAGT TAATTTTAGT AGCTGAAGAA CGTCTAGTTG1920  
TTTGCTTGAT ATTTGTGAAC ATTTACTGCA TGGATCACA AACAATATAC CCTGTATTTT1980  
TTACACGCCA CTTATATGCA GCAAGGAGTA AATGTGTTAC TAGATTCCGG TAGTGATTT2040  
TGTCACGAA TCTGACCTG AGAATGTACA TTAATTCTTA TATTTTACAT AATGTATGTG2100  
55 TTGTTTAAAG AATGTATAAA AAACCTGAAA AAAATGAGTA AGAACTGGCA GAAGTTAAAA2160  
CCCTTTGTAT CAAAAGATCT TTATTTGGTAG AGCACTGGTT ATCTTCTGGA TACTAAAAAG2220  
TTGTATTACA AAGCCAAACA CTTGCATTCA CAACTTTAAA AAAAGATCCA AGGAACATT2280  
CATAATGATG AAATTCCAAC TACATACAAG GAGGAGAAAA TAAGAACCCA GTCATACAG2340  
AGGAATTCTA TAGGAGTCTG CATCAATTCA TTCTTAAGGT TGCCTACTCT CTGTTATGTG2400

AATTAGCGTC TGTGTTTCAC CCATTGCTCG TGTTTAGTCC TTGTTACCA CTAAGGCAAG2460  
 GAATTCCTAA CTAGGCCTCT GTTTACCAAC TTCTCTTCT CCTCCTTTC CTCTTATTCC2520  
 TCCTTCTCCT CTTCCCTCTT ATATAATGCT AGTATATTCT CAAAATTGCA AAGCTGTGAG2580  
 AATATTAAAA TAATCATGGC TAATGTTCCA ATAATGAGGT CTTTGTGCAT TTAGTTCGGC2640  
 5 ATATGATGGT TTTTTTTT CATTAAAGAG TATATGTGTC TTAATGCAGT CAGATTGTAA2700  
 AAAACAAAA CAAAGAACT AAGAATCTTA CTAATAATCG ATAATGTCAG TTATCTGTTT2760  
 TGTCCAATAT TGGTAGTACT TTTTGCCTC TTATGATTCC TCTAGCAGAT AAATAAAGA2820  
 AACTTTTGCC ATCC 2834

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2319 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 545

AACGTCATTG GTAACAGCAA GTCCCAGACA CCAGCCCCCA GTTCCGAAGT GGTTTTGGAT 60  
 35 TCAAAGAGAC AAGTTGAGAG AGAGGAAACC AACCATGAGA TCCAGGAGGG GAAAGAAGAG 120  
 CCTCAGAGGG ACAGGCTGCC GCAGGAGCCA GGCCGGGAGC AGGTNGTGGA AGACAGACCT 180  
 GTAGGTGGAA GAGGCTTCGG GGGAGCCGGA GAACTGGGCC AGACCCACCA GGTGCAGGCT 240  
 GCCCTGTCTAG TGAGNCCAGG AAAATCCAGA GATGGAGGGC CCTGAGCGAG ACCAGCTTGT 300  
 CATCCCCGAC GGACAGGAGG AGGAGCAGGA AGCTGCCGGG GAAGGGAGAA ACCAGCAGAA 360  
 40 ACTGAGAGGA GAAGATGACT ACAACATGGA TGAAAATGAA GCAGAATCTG AGACAGACAA 420  
 GCAAGCAGCC CTGGCAGGGA ATGACAGAAA CATAGATGTT TTTAATGTTG AAGATCAGAA 480  
 AAGAGACACC ATAAATTTAC TTGATCAGCG TGAAAAGCGG AATCATAAC TCTGAATTGA 540  
 ACTGGAATCA CATATTTTAC AACAGGGCCG AAGAGATGAC TATAAATGT TCATGAGGGA 600  
 CTGAATACTG AAAACTGTGA AATGTACTAA ATAAAATGTA CATCTGAANG ATGATTATTG 660  
 45 TGNAAATTTT AGTATGCACT TTGTGTAGGA AAAAATGGNA ATNGGTCTTT TAAACAGCTT 720  
 TTGGGGGGNT ACTTTNGGAA GTGTCTNAAT AANGGTGTCA CNAATTTTGT GNTAGTANGG 780  
 TATTTCTGTA GNAAGNNTT AACACCAAAA CTNGGAACAT AGTTCTCCTT CAAGTGTGG 840  
 CGACANCGGG NNGCTTCCTG ATTCTGGAAT ATAACCTTGT GTAAATTAAC AGCCACCTAT 900  
 AGAAGAGTCC ATCTGCTGTG AAGGAGAGAC AGAGAATCT GGGTTCCGTC GTCCTGTCCA 960  
 50 CGTGCTGTAC CAAGTGCTGG TGCCAGCCTG TTACCTGTTC TCACTGAAAA GTCTGGCTAA1020  
 TGCTCTTGTG TAGTCACTTC TGATTCTGAC AATCAATCAA TCAATGGNCC TAGANGCACT1080  
 GACTGTTAAC ACAACGTCA CTAGNCAAAG TAGNCAACNA GCTTTAAGTC TAAATACAAA1140  
 GCTGTTCTGT GTGAGAATTT TTTAAAAGGC TACTTGTATA ATAACCCTTG TCATTTTTTAA1200  
 TGTACAAAAC GCTATTAAGT GGCTTAGAAT TTGAACATTT GTGGNTCTTT ATTTACTTTG1260  
 55 CTTNCGTGTG TGGGCAAAGC AACATCTTCC CTAATATAT ATTACCAAGA AAANGCAAGA1320  
 AGCAGATTAG GNTTTTGTAC NNAAAACANA ACAGGCCNNA AAAGGGGGCN TGNACCTGGA1380  
 GCAGAGCATG GTGNAGAGGC AAGGCATGNA GAGGGCAAGT TTGTTGTGGA CAGATCTGTG1440  
 CCTACTTTAT TACTGGAGTA AAANGAAAAC AAAGTTNCAT TGATGTCGNA AGGATATATA1500



5 CAGTGTNNAG AAATTNNAGG NACTNGTTTN AGAAAAACAG GAATACNNAA TGGNTTGNNTT1560  
TTTATCATAN GTGNTACACA TTTAGCTTGT GGNTAAATNG ACTCACAAAA CTGANTTTTA1620  
AAATCAAGTT AATGTGAATT TTGAAAATTA CTACTTAATC CTAATTCACA ATAACAATGG1680  
CATTAAAGTT TGACTTGAGT TGGTCTTAGT TATTATTTAT GGTAATAGG CTCTTACCAC1740  
10 TTGCNAAATA ACTGGNCCAC ATCATTAAATG ACTGACTTCC CNAGTAANGG CTCTCTAAGG1800  
GGTAAGTNAG GAGGATCCAC AGGATTTGAG ATGCTAAGGC CCCAGAGATC GTTTGATNCC1860  
AACCCTCTTA TTTTCNAGAG GGGAAAATGG GGCCTNAGNA AGTTACANGA GCATCNTNAG1920  
CNTGGTGCGC TGGNCACCCC NTGGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGANCTA1980  
CAGGCACACA GTCAGTGAAG CAGGCCCNTG TTTGCAATTC ACGTTGCCNA CCTNCCAACN2040  
15 TTAAACATTN CTTCATATGT GATGTCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCCACCA2100  
GAAAAGGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTTCCA2160  
GCCTCACTTT GAGTCCTCCT TNGGGGTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTTGC TTTCTCAATA2220  
AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAATGTT2280  
CTGTTCAACT TANNNNNAAA AAAAAANAA AAAAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 546:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 2456 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 546

40 TGCAACTGTG CACCCAGCTT GCCAGATTTT TCCCCATTAC ACCCCCAGTG TGGCATATCC 60  
TTGGTCCCCA GAGGCACACC CTTGATCTG TGGACCTCCA GGCCTGGACA AGAGGTGCT 120  
ACCAGAAACC CCAGGCCCTT GTTACTCAA TTCACAGCCA GTGTGGTGT GCCTGACTCC 180  
TCGCCAGCCC CTGGAACCAC ATCCACCTGG GGAGGGGCTT TCTGAATGGA GTTCTGACAC 240  
CGCAGAGGGC AGGCCATGCC CTTATCCGCA CTGCCAGTG CTGTCGGCCC AGCCTGGCTC 300  
45 AGAGGAGGAA CTCGAGGAGC TGTGTGAACA GGCTGTGTGA GATGTTTCTAGG CCTAGCTCCA 360  
ACCAAGAGTG TGCTCCAGAT GTGTTGGGGC CCTAAGTCTG CACAGAGTCC TGCTCCTGGG 420  
AAAGGAAAGG ACCACAGCAA ACACCATCTT TTTTGCCGTA CTTCTAGAA GCACTGGAAG 480  
AGGACTGGTG ATGGTGGGAG GGTGAGAGGG TGCCGTTTTC CTGCTCCAGC TCCAGACCTT 540  
GTCTGCAGAA AACATCTGCA GTGCAGCAA TCCATGTCCA GCCAGGCAAC CAGCTGCTGC 600  
50 CTGTGGCGTG TGTGGGCTGG ATCCCTTGAA GGCTGAGTTT TTGAGGGCAG AAAGCTAGCT 660  
ATGGGTAGCC AGGTGTTACA AAGGTGCTGC TCCTTCTCCA ACCCCTACTT GGTTTCCCTC 720  
ACCCCAAGCC TCATGTTTAT ACCAGCCAGT GGGTTCAGCA GAACGCATGA CACCTATCA 780  
CCTCCCTCCT TGGGTGAGCT CTGAACACCA GCTTTGGCCC CTCCACAGTA AGGCTGCTAC 840  
ATTCAGGGGC AACCTGGGC TCTATCATTT TCCTTTTTTG CCAAAGGAC CAGTAGCATA 900  
55 GGTGAGCCCT GAGCACTAAA AGGAGGGGTC CCTGAAGCTT TCCCACTATA GTGTGGAGTT 960  
CTGTCCCTGA GGTGGGTACA GCAGCCTTGG TTCCTCTGGG GGTGAGAAT AAGAATAGTG1020  
GGGAGGGAAA AACTCCTCCT TGAAGATTTT CTGCTCAGA GTCCCAGAGA GGTAGAAAGG1080  
AGGAATTTCT GCTGGACTTC ATCTGGGCAG AGGAAGGATG GAATGAAGGT AGAAAAGGCA1140

```

GAATTACAGC TGAGCGGGGA CAACAAAGAG TTCTTCTCTG GGAAAAGTTT TGTCTTAGAG1200
CAAGGATGGA AAATGGGGAC AACAAAGGAA AAGCAAAGTG TGACCCCTGG GTTTGGACAG1260
CCCAGAGGCC CAGCTCCCCA GTATAAGCCA TACAGGCCAG GGACCCACAG GAGAGTGGAT1320
TAGAGCACAA GTCTGGCCTC ACTGAGTGA CAAGAGCTGA TGGGCCCTCAT CAGGGTGACA1380
5   TTCACCCAG GGCAGCCTGA CCACTCTTGG CCCCTCAGGC ATTATCCCAT TTGGAATGTG1440
AATGTGGTGG CAAAGTGGGC AGAGGACCCC ACCTGGGAAC CTTTTTCCCT CAGTTAGTGG1500
GGAGACTAGC ACCTAGGTAC CCACATGGGT ATTTATATCT GAACCAGACA GACGCTGAA1560
TCAGGCACTA TGTTAAGAAA TATATTTATT TGCTAATATA TTTATCCACA AATGTGGTCT1620
GGTCTTGTGG TTTTGTCTG TCGTGACTGT CACTCAGGGT AACAAACGTC TCTCTTCTA1680
10  CATCAAGAGA AGTAAATTAT TTATGTTATC AGAGGCTAGG CTCCGATTCA TGAAAGGATA1740
GGGTAGAGTA GAGGGCTTGG CAATAAGAAC TGGTTTGTAA GCCCCTAAAA GTGTGGCTTA1800
GTGAGATCAG GGAAGGAGAA AGCATGACTG GATTCTTACT GTGCTTCAGT CATTATTATT1860
ATACCTTCCA GTTACACAT TATCATACT CAGTGACTCA GACCTTGGGC AAATACTCTG1920
TGCCTCGCTT TTTCACTCCA TAAAATGGGC CTACTTAATA GTTGTGTCAG GACTTACATG1980
15  AGATAATAGA GTGTAGAAAA TATGTTCCAA AGTGGAAAGT TTTATTCAGT GATAGAAAAC2040
ATCCAAACCT GTCACAGAGC CCATCTGAAC ACAGCATGGG ACCGCCAACA AGAAGAAAGC2100
CCGCCCCGAA GCAGCTCAAT CAGGAGGCTG GGCTGGAATG ACAGCGCAGC GGGGCCTGAA2160
ACTATTTATA TCCCAAAGCT CCTCTCAGAT AAACACAAAT GACTGCGTTC TGCCTGCACT2220
CGGGCTATTG CGAGGACAGA GAGCTGGTGC TCCATTGGCG TGAAGTCTCC AGGGCCAGAA2280
20  GGGGCCTTTG TCGCTTCCTC ACAAGGCACA AGTTCCCTT CTGCTTCCCC GAGAAAGGTT2340
TGGTAGGGGT GGTGGTTTAG TGCCTATAGA ACAAGGCATT TCGCTTCCCTA GACGGTGAAA2400
TGAAAGGGAA AAAAAGGACA CCTAATCTCC TACAAATGGT CTTTAGTAAA GGAACC 2456

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 547:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 547

```

GAGGAAAAAG AACAAATGAAC AGCAACGATC TTGACTGTGC AACTCAGACA TTCCTGCAGA 60
AAAGACATAT GTTGCTTTAC AAGAAGGCCA AAGAACTATG GGGCCTTCCC AGCATTTGAC 120
50  TGTTCAATTGC ATAGAATGAA TTAAATATCC AGTTACTTGA ATGGGTATAA CGCATGAATG 180
TGTGATTTTA TTAGGGGCAT CTGCCAATTC TCTCACTGTG GTTCCTTCTC TGACTTTGCC 240
TGTTCAATCAT CTAAGGAGGC TAGATCCTTC GCTGACTTCA CCATTCTCTA AACCTGTAAG 300
TTTCTCACTT CTTCCAAATT GGCTTTGGCT CTTTCTTCAA CCTTTCCATT CAAGAGCAAT 360
CTTTGCTAAG GAGTAAGTGA ATGTGAAGAG TACCAACTAC AACAAATCTA CAGATAATTA 420
55  GTGGATTGTG TTGTTTGTG AGAGTGAAGG TTTCTTGGCA TCTGGTGCCT GATTAGGCT 480
TGAGTATTAA GTTCTCAGCA TATCTCTCTA TTGTCTTGAC TTGAGTTTGC TGCATTTTCT 540
ATGTGCTGTT CGTGACTTGG AGAACTTAAA GTAATCGAGC TATGCCAACT TGGGGTGGTA 600
ACAGAGTACT TCCCACCACA GTGTTGAAAG GGAGAGCAAA GTCTTATGGA TAAACCTCTC 660

```

```

TTTCTTTTGG GGACACATGG CTCTCACTTG AGAAGCTCAC CTGTGCTGAA TGTCCACATG 720
GTCATAAAC ATGTTATCCT TAAACCCCC GTATGCCCTGA GTTGAAAGGG CTCTCTCTTA 780
TTAGGTTTTT ATGGGAACAT GAGGCAGCAA ATCTATTGCT AAGACTTTAC CAGGCTCAAA 840
TCATCTGAGG CTGATAGATA TTTGACTTGG TAAGACTTAA GTAAGGCTCT GGCTCCCAGG 900
5 GGCATAAGCA ACAGTTTCTT GAATGTGCCA TCTGAGAAGG GAGACCCAGG TTATGAGTTT 960
TCCTTTGAAC ACATTGGTCT TTTCTCAAAG TTCCTGCCTT GCTAGACTGT TAGCTCTTG1020
AGGACAGGGA CTATGTCTTA TCAATCACTA TTATTTTCCT GTTACCTAGC ATGGGACAAG1080
TACACAACAC ATATTTGTGT AGTCTTCTAA AAGACTCCTC TGATTGGGAG ACCATATCTA1140
TAATTGGGAT GTGAATCATT TCTTCAGTGG AATAAGAGCA CAACGGCACA ACCTTCAAGG1200
10 ACATATTATC TACTATGAAC ATTTTACTGT GAGACTCTTT ATTTTGCCTT CTACTTGCCT1260
TGAAATGAAA CCAAAACAGG CCGTTGGGTT CCACAAGTCA ATATATGTTG GATGAGGATT1320
CTGTTGCCTT ATTGGGAAC GTGAGACTTA TCTGGTATGA GAAGCCAGTA ATAAACCTTT1380
GACCTGTTTT AACCAATGAA GATTATGAAT ATGTTAATAT GATGTAAATT GCTATTTAAG1440
TGTAAGCAG TCTAAGTTT TAGTATTTGG GGGATTGGTT TTTATTATTT TTTTCCTTT1500
15 TGAAAAATAC TGAGGGATCT TTTGATAAAG TTAGTAATGC ATGTTAGATT TTAGTTTTGC1560
AAGCATGTTG TTTTTCAAAT ATATCAAGTA TAGAAAAAGG TAAACAGTT AAGAAGGAAG1620
GCAATTATAT TATTCTTCTG TAGTTAAGCA AACACTTGTG GAGTGCCTGC TATGTGCACG1680
GCATGGGCCC ATATGTGTGA GGAGCTTGTC TAATTATGTA GGAAGCAATA GATCTCGGTA1740
GTTACGTATT GGGCAGATAC TTACTGTATG AATGAAAGAA CATCACAGTA ATCACAATAT1800
20 CAGAGCTGAG TTATCCCCAG TGTAGCTTCG TTGGGGATTC CAGTTTCTGG GAACGAGAGT1860
TAGGGCCATT TTATTTAAAA GAAACTCCCG GTTGAGACCG GTTCTTATGA ACCTCTGAAA1920
CGTACAAGCC TTCACAAGTT TAACTAAATT GGGATTAATC TTTCTGTAGT TATCTGCATA1980
ATTCTTGTTT TTCTTTCCAT CTGGCTCCTG GGTGACAAT TTGTGGAAAC AACTCTATTG2040
CTACTATTTA AAAAAATCA GAAATCTTTC CCTTTAAGCT ATGTTAAATT CAAACTATTC2100
25 CTGCTATTCC TGTTTTGTCA AAGAATTATA TTTTTCAAAA TATGTTTATT TGTTTGATGG2160
GTCCCAGGAA ACATAATAA AAACCACAGA GACCAGCCCC AAAAAAAAAA AAGTTTTG 2218

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 548:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2196 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 548

```

CGGCGCGATG CGCGGAGACC CCCGCGGGGG CGGCGGCGGC CGTGAGCCCC GATGAGGCCC 60
GAGCGTCCCC GGCCGCGCGG CAGCGCCCCC GGCCCGATGG AGACCCCGCC GTGGGACCCA 120
GCCCGCAACG ACTCGCTGCC GCCCAGCTG ACCCGGGCCG TGCCCCCTA CGTGAAGCTT 180
55 GGCTCACC CGTCTACAC CGTGTCTAC GCGCTGCTCT TCGTGTTCAT CTACGTGCAG 240
CTCTGGCTGG TGCTGCGTTA CCGCCACAAG CGGCTCAGCT ACCAGAGCGT CTTCTCTTT 300
CTCTGCCTCT TCTGGGCCTC CCTGCGGACC GTCTCTTCT CTTCTACTT CAAAGACTTC 360
GTGGCGGCCA ATTCGCTCAG CCCCTTCGTC TTCTGGCTGC TCTACTGCTT CCCTGTGTGC 420

```

CTGCAGTTTT TCACCCTCAC GCTGATGAAC TTGTACTTCA CGCAGGTGAT TTTCAAAGCC 480  
AAGTCAAAAT ATTCTCCAGA ATTACTCAAA TACCGGTTGC CCCTCTACCT GGCCCTCCCTC 540  
TTCATCAGCC TTGTTTTCCCT GTTGGTGAAT TTAACCTGTG CTGTGCTGGT AAAGACGGGA 600  
AATTGGGAGA GGAAGGTTAT CGTCTCTGTG CGAGTGGCCA TTAATGACAC GCTCTTCGTG 660  
5 CTGTGTGCCG TCTCTCTCTC CATCTGTCTC TACAAAATCT CTAAGATGTC CTTAGCCAAC 720  
ATTTACTTGG AGTCCAAGGG CTCCTCCGTG TGTCAGTGA CTGCCATCGG TGTCACCGTG 780  
ATACTGCTTT ACACCTCTCG GGCCTGCTAC AACCTGTTCA TCCTGTCATT TTCTCAGAAC 840  
AAGAGCGTCC ATTCCTTTGA TTATGACTGG TACAATGTAT CAGACCAGGC AGATTTGAAG 900  
AATCAGCTGG GAGATGCTGG ATACGTATTA TTTGGAGTGG TGTTATTTGT TTGGGAACCT 960  
10 TTACCTACCA CCTTAGTCGT TTATTTCTTC CGAGTTAGAA ATCCTACAAA GGACCTTACC1020  
AACCCTGGAA TGGTCCCCAG CCATGGATTC AGTCCCAGAT CTTATTTCTT TGACAACCCT1080  
CGAAGATATG ACAGTGATGA TGACCTTGCC TGGAACATTG CCCCTCAGGG ACTTCAGGGA1140  
GGTTTTGCTC CAGATTACTA TGATTGGGGA CAACAACTA ACAGCTTCCT GGCACAAGCA1200  
GGAACCTTGG AAAGACTCAA CTTTGGATCC TGACAAACCA AGCCTTGGGT AGCATCAGTT1260  
15 AACAGTTTTA TGGACGATTC CTCAGATGAA AAGCTTCAGA AAAGCATAGT GACAGCTGAA1320  
TTTTTAGGGC ACTTTTCCTT AAGAAATAGA ACTTGATTTT TATTTGTAC AGGTTTCCAA1380  
TGGCCCCATA GGAATAAGCA ATAATGTAGA CTGATAAACC CTTATTTTAG TACTAAAGAG1440  
GGAGCCTTGC TATTTAGTG GGTATAATTT AAACCTTTTA AAGAAAATCT GTACTTTTAT1500  
AAAGATGTAT TTTGTATAAC TTAAATAATA ATGCTAAAGT ATACTAGGGT TTTTTTTTCT1560  
20 TGAGAATGTT ACTGCAATCA TGTTGTAGTT TGCACAGACT TTTATGCATA ATTCACTTTA1620  
AAAATATAGA ATATATGGTC TAATAGTTTT TTAAAGCTTT TGGACTAAAG TATTCACAA1680  
ATCTTACCTC TTTAGGTCAC TGATGGTCAC TCCGATTCTG AGTGCCACAT TGGTAGACTC1740  
CTAAAATACA GTTGACAAC TAGCCAATTG CAACTCCAGT GTTGATAATT AAAATGAAAT1800  
GGTAAAGCAG CAGACTGTAA GGTCTTTAGA GATTTTTTTT TTAAGGTTCA GGCCGTAGGT1860  
25 TCCTCAAGGA ATCTCTTAAG TTTTGCCCAA AGACTGGTAC TTCCTTTCAG TAGGGCGCTA1920  
ATGTATACAC ATTAATGATA AGTTGATAAC ATTAAAAATG TAGCTGACTT ATCCTATTAA1980  
ACCTCCTCTG CTATGTTTAC AGAACCCCA TAACCTTTTT TCAGCCTAAT GAAATCTAAT2040  
ATGCATTACC TCAGGGCCAC ATCAAGAATA CACCCCTTTC CGAACTCACT GAATGTTTAT2100  
TACATTCAAG GAGAAAATAA GAGGGTCCAT AAAGGGCATT AATAACAAAT ACCCCAAGCC2160  
30 GTTGAGCTAA GACTATGTGG AATCCTAATA GTTTTTT 2196

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 549:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
35 (A) LÄNGE: 701 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 549
- 55 AATTAAATA AATAGAAACA TACGGAGATT CTTTTATGTT GGATTTATTA TACCCTCCAC 60  
CATTTTGGTC CCTGAAAAGG GAAAAGATAC ACGGTCGAGT AGTACAGGTA TGTGTTTCCC120  
ACTACACATT ATGGCTATAA TGGAGTTGAA TTGCAAACAG TAAATTTTG TTTTGGATTG180

5 GTTTCCTG ATCCCCCAG ACAGGAGCTT CCTCTCCCAC CCTACCTGCC TGCCCTTAAG240  
TTGTGTCCTA TTAAACTGGA CACAAATCTC ACCGGCTTTT AGTCTAATAA TTGAATCATA300  
GCTACACACA GTGACACCAG AATAGCTACT TGTTTTTTTA TGTTACCAGT GAGTAACCTG360  
TTTATCCTTG TATGTAGAAA CTAATTTTAC CATGATCACA GATCTGTGTA ACATCTCTAG420  
TTTGAATTTC CACACAATTT TAAAATGTCT ACTAGAAAAC TTACACCTTT TTGTTCCAAG480  
GTGCTCTTCA TCTATAAAAC CGTGGGCATA CTTCAGTGTT CTTCTGAGGC CAAATTTTGT540  
GGGTCGTGGG GGACAATTTT GTATTAACAT ACGTTATTTT GTAATTCATT CTCCAAATTT600  
GAAGCTTTAT TAAAGGTATT CTATTTCCAC TGGCTTCCCT TAACCTGAAT AAAATTTACT660  
CCCAGTGCCG TGGCTCATGC CTGCTGCAAT CCCAGCCCTT T 701

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 550:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2214 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 550

35 GCTAAAGAGG AGGATGCTAT ACTTTTCTAA ATGGCAAGAG ATGGGGAGAG AAGGGGATTA 60  
AGAGTTGACC CGCAACCTCC CGGTGGATTC TTTGTTCTTA CCAGATCTCT TGGCCACTCC 120  
CCTATTCTGA AGTCGTCTTG GCTCTCTTGA CTGCTCCCCT ATTCTGAAGT CGTCTTGGCT 180  
CTCTTGACTA CTCCCCTATT CTGAAGTCGT CTTGGCTCTC CTGACTACAC TATTTCAAGG 240  
AATGATCACC AAGACACACA AAGTAGACCT TGGGCTCCCA GAGAAGAAAA AGAAGAAGAA 300  
40 AGTGGTCAAA GAACAGAGA CTCGATACTC AGTTTTAAAC AATGATGATT ACTTTGCTGA 360  
TGTTTCTCCT TTAAGAGCTA CATCCCCCTC NTAAGAGTGT GGCCCATGGG CAGGCACCTG 420  
AGATGCCTCT AGTGAAGAAA AAGAAGAAGA AAAAGAAGGG TGTCAGCACC CTTTGCGAGG 480  
AGCATGTAGA ACCTGAGACC ACGCTGCCTG CTAGACGGAC AGAGAAGTCA CCCAGCCTCA 540  
GGAAGCAGGT GTTGGCCAC TTGGAGTTCC TCAGTGGGGA AAAGAAAAAN TAAGAAGTCA 600  
45 CCTCTAGCCA TGTCCCATGC CTCTGGGGTG AAAACCTCCC CAGNACCCNT AGACAGGGTG 660  
AGGAGGAAAC CAGAGTTGGC AAGAAGCTCA AAAAANCACA AGAAGGAAAA AAAGGGGGNC 720  
CCAGGACCCC ACNAGCCTTC TCGGTCCAGG ACCCTTGGTT CTGTGAGGCC AGGGAGGCCA 780  
GGGATGTTGG GGACACTTGC TNCAGTGGGG AAGAAGGATG AGGAACAGGC AGCCTTGGGG 840  
NCAGAAACGG AAGNCGGAAG AGCCCCAGAG AACACAATGG GAAGGTGAAG AAGAAAAAAA 900  
50 AAATCCACCA GGAGGGAGAT GCCCTCCCAG GCCACTCCAA GCCCTCCAGG TCCATGGAGA 960  
GCAGCCCTAG GAAAGGAAGT AAAAAGAAGC CAGTCAAAGT TGAGGCTCCG GAATACATCC1020  
CCATAAGTGA TGACCCTAAG TCCTCCGCAA AGAAAAAGAT GAAGTCCAAA AAGAAGGTAG1080  
AGCAGCCAGT CATCGAGGAG CCAGCTCTGA AAAGGAAGAC GAGGAAGAG AGGAAGAGA1140  
GTGGGGTAGC AGGAGACCCT TGGAGGGAGG AAACAGACAC GGACTTAGAG GTGGTGTGG1200  
55 AAAAAAAGG CAACATGGAT GAGGCGCACA TAGACCAGGT GAGGCGAAAG GCCTTGCAAG1260  
AAGAGATCGA TCGCGAGTCA GGCAAAACGG AAGCTTCTGA AACCAGGAAG TGGACGGGAA1320  
CCCAGTTTGG CCAGTGGGAT ACTGCTGGTT TTGAGAACGA GGACCAAAAA CTGAAATTT1380  
TCAGACTTAT GGTGGCTTC AAAAACTGT CCCCTTCGTT CAGCCGCCCC GCCAGCACGA1440

5 TTGCAAGGCC CAACATGGCC CTCGGCAAGA AGGCGGCTGA CAGCCTGCAG CAGAATCTGC1500  
AGCGGGACTA CGACCGGGCC ATGAGCTTGG AAGTACAGCC GGGGAGCCGG CTTGCGGTGT1560  
TCTCCACCGC CCCCAACAAG ATCTTTTACA TTGACAGGAA CGCTTCCAAG TCAGTCAAGC1620  
TGGAAGATTA AACTCTAGAG TTTTGTCCCC CCAAACTGCT CACAATTGCT TTGATTATTC1680  
10 CATTATATGCT GGAGATTACA AATTTTTTTT GGTGAACAAA TCAGATCTTG GTGAGGACCT1740  
CGAGCAGTAA GATATAAATA ACTCCCNATA AGCTTAGNCG TTCCCAGTAA TGGAACACTA1800  
GGCATAAANT GGTATTATNC AGTTGTGCAA ATGAAAGCCA TCTGACAGTT GGCTNCACAT1860  
TGAACACCTG TGGAGATTAA GGACGAGGAC AACTATATTG ATGGGCTTGG ATGAACTGGG1920  
GCAGGGCAGC TCATATTTCG GGAGCCAGGA GAACGAGTGA GTGCTAAAAC CTCCTGTTTT1980  
15 CTGTGTTAAA CATTCCGTCC CTGTTTGAGA CATCAGTATG TACAGTTAAC TTTTGTGAG2040  
TGTTTAGCAG GTACTAGGGA CATACTAGTG TTTTCCTTAA TGTATTTAAT CTTCATAATT2100  
ATGAAATGGG TGCTATTATT AGCCCCATCT TATAGATGAG GCAACTGAGG TTCAGGGATA2160  
AAGTAATAAA ATTGCTGGG GTCACCCAGC CACTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAA 2214

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 551

40 GCGCGGCCGG CGCCTGCGGG GCGAGAGGGT CGGGGCGAAG GGGAAGCTAC GTCCCGGAGG 60  
TGCGGTGTGG GGCACCGGGC GGGGCCGCGG GAACCGGCGC CCCACGGAGC TGCTGCTGTC 120  
AGACCAACCC CGGGCCCCCA TCATCACTGC GCCGCGCTT CAGGCGCCGA GAACTACCGT 180  
TCCCGGCATG CCATGAAATT GGCCTCGCGG CTGAGGCGGG GTCCGGCCCT CCACCCGCTC 240  
CCGCGCGCGG CGAATCGCGG TCGCGAGCCA TGGAGGAGGA GGCATCGTCC CCGGGGCTGG 300  
GCTGCAGCAA GCCGCACCTG GAGAAGCTGA CCCTGGGCAT CACGCGCATC CTAGAATCTT 360  
45 CCCCAGGTGT GACTGAGGTG ACCATCATAG AAAAGCCTCC TGCTGAACGT CATATGATTT 420  
CTTCCTGGGA ACAAAGAAT AACTGTGTGA TGCCTGAAGA TGTGAAGAAC TTTTACCTGA 480  
TGACCAATGG CTTCCACATG ACATGGAGTG TGAAGCTGGA TGAGCACATC ATTCCACTGG 540  
GAAGCATGGC AATTAACAGC ATCTCAAAAC TGACTCAGCT CACCCAGTCT TCCATGTATT 600  
CACTTCCTAA TGCACCCACT CTGGCAGACC TGGAGGACGA TACACATGAA GCCAGTGATG 660  
50 ATCAGCCAGA GAAGCCTCAC TTTGACTCTC GCAGTGTGAT ATTTGAGCTG GATTTCATGCA 720  
ATGGCAGTGG GAAAGTTTGC CTTGTCTACA AAAGTGGGAA ACCAGCATTG GCAGAAGACA 780  
CTGAGATCTG GTTCCTGGAC AGAGCGTTAT ACTGGCATT TCTCACAGAC ACCTTTACTG 840  
CCTATTACCG CTTGCTCATC ACCACCTGG CCCTGCCCCA GTGGCAATAT GCCTTACCA 900  
GCTATGGCAT TAGCCACAG GCCAAGCAAT GGTTGAGCAT GTATAAACCT ATCACCTACA 960  
55 ACACAAACCT GCTCACAGAA GAGACCGACT CCTTTGTGAA TAAGCTAGAT CCCAGCAAAG1020  
TGTTTAAGAG CAAGAACAAG ATCGTAATCC CAAAAAGAA AGGGCCTGTG CAGCCTGCAG1080  
GTGGCCAGAA AGGGCCCTCA GGACCCCTCC GTCCCTCCAC TTCCTCCACT TCTAAATCCT1140  
CCTCTGGCTC TGGAAACCCC ACCCGGAAGT GAGCACCCCT CCCTCCAACCT CCCTACCAGC1200

TCCAGAGTGG TGGTTTCCAT GCACAGATGG CCCTAGGGGT GACCTCCAGT TTTGCGTGTG1260  
GACCGTAGGC CTCTTTCTAG TTGAATGACC AAAATTGTAA GGCTTTTAGT CCCACCGACA1320  
TTAGCCAGGC TCGTAGTGAG GCCTCCAGAG CAGGTTGTGC TGTCCCCTGC CTCTGGAAGC1380  
AATGGGGAAT GTGGAATCAA GACAATGCCC AAAAAATTTT TAATGCAGCT GGTC 1434

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 552:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 552

30 CCCGGAGAAG GTGGAGGGAG ACGAGAAGCC GCCGAGAGCC GACTACCTC CGGGCCAGT 60  
CTGTCTGTCC GTGGTGGATC TAAGCCTCAT CTGTATCCTC TTGTGATGGC GTGAAGGAAA 120  
GCCATGGCAG ATTTCCAGCC TGGTGATGCT GTACAGAACA CAGGTGGCCT GCTTCCATGC 180  
CTCCTCAGCT TCAAGAACT AGAATGAACC GAAGCATTC TGTGAGGTT GATGAATCAG 240  
AACCATACCC AAGTCAGTTG CTGAAACCAA TCCCAGAATA TTCCCCGGA GAGGAATCAG 300  
35 AACCACTGC TCCAAATATA AGGAACATGG CACCAACAG CTTGTCTGCA CCCACAATGC 360  
TTCACAATTC CTCCGGAGAC TTTTCTCAAG CTCACTCAAC CCTGAAACTT GCAAATCACC 420  
AGCGGCCTGT ATCCCGGCAG GTCACCTGCC TGCCTACTCA AGTTCTGGAG GACAGTGAAG 480  
ACAGTTTCTG CAGGAGACAC CCAGGCCTGG GCAAAGCTTT CCCTTCTGGG TGCTCTGCAG 540  
TCAGCGAGCC TCGCTCTGAG TCTGTGGTTG GAGCCCTCCC TGCAGAGCAT CAGTTTTCAT 600  
40 TTATGGAAAA ACGTAATCAA TGGCTGGTAT CTCAGCTTTC AGCGGCTTCT CCGTACACTG 660  
GCCATGACTC AGACAAATCA GACCAAGTT TACCTAATGC CTCAGCAGAC TCCTTGGGCG 720  
GTAGCCAGGA GATGGTGCAA CGGCCCCAGC CTNACAGGA ACCGAGCAGG CCTGGATCTG 780  
CCAACCATAG ACACGGGATA TGATTTCCAG CCCCAGGATG TCCTGGGCAT CAGGCAGCTG 840  
GAAAGGCCCC TGNCCCTCAC CTCCTGTGT TACCCCCAGG ACCTCCCGAG ACCTCTCAGG 900  
45 TCCAGGGAGT TCCCTCAGTT TGAACCTCAG AGGTATCCAG CATGTGCACA GATGCTGCCT 960  
CCCAATCTTT CCCACATGC TCCATGGAAC TATCATTACC ATGTCTCTGG AAGTCCCGAT1020  
CACCAGGTGC NCATATGGCC ATGACTACCC TCGAGCAGCC TACCAGCAAG TGATCCAGCC1080  
GGCTCTGCCT GGGNCAGCCC CTNNGCCTGG AGCCAGTGTG AGAGGCCTGC ACCCTGTGCA1140  
GAANNNGTTA TCCTGAATTA TCCCAGCCCC TGGGACCAAG AAGAGAGGCC CGCACAGAGA1200  
50 GACTGCTCCT TTCCGGGGCT TCCAAGGCAC CAGGACCAGC CACATCACCA GCCACCTAAT1260  
AGAGCTGGTG CTCCTGGGGA GTCCTTGGAG TGCCCTGCAG AGCTGAGACC ACAGGTTCCC1320  
CAGCCTCCGT CCCAGCTGC TGTGCCTAGA CCCCCTAGCA ACCCTCCAGC CAGAGGAACT1380  
CTAAAAACAA GCAATTTGCC AGAAGAATTG CGGAAAGTCT TTATCACTTA TTCGATGGAC1440  
ACAGCTATGG AGGTGGTGAA ATTCGTGAAC TTTTGTGTGG TAAATGGCTT CCAAAGTGA1500  
55 ATTGANCANT ATTTGAGGAT AGAATCCGAG GCATTGATAT CATTNAAATG GATGGAGCGC1560  
TACCTTANGG GATAAGACCG TGATGATAAT CGTAGCAATC AGCCCNAAA NTACAAANNC1620  
AGGACGTNGG NAAGGNCGCT GANGTCNGCA GCTGGACGAG GATGAGCATG GCTTACATAC1680  
TAAGTACATT CATCGAATGA TGCAGATTGA GTTCATAAAA CAAGGAAGCA TGAATTTTCAG1740

ATTCATCCCT GTGCTCTTCC CAAATGCTAA GAAGGAGCAT GTGCCACCT GGCTTCAGAA1800  
 CACNTCATGT CTACAGCTGG CCCAAGAATN AAAAAAACA TCCTGCTGCG GCTGCTNGAG1860  
 AGAGGAAGAG TATGTGGCTC CTCCACGGGG GCCTCTGCCC ACCNCTCAG GTGGTTCCCT1920  
 TGTGANACC GTTCATCCCC AGATCACTGA GGCCNAGGCC ATGTTTGGGN GCCTTGTCT1980  
 5 GNACAGCATT CTGGCTGAGG CTNGGTCGGT AGCANNCTCC TGGCTGGTTT TTNTTCTGTT2040  
 CCNTCCCCGA NGAAGCCCTC TGGNNCCCC ANGGAAACCT GTTGTGCAGA GCTCTTCCCC2100  
 GGAGACCTCC NACACANCCC TGGNCTTTGA AGTGGAGTCT GTGNACTGNC TCTGCATTNC2160  
 TCTGCTTTTN AAAAAACCA TTGCAGGTGN CCAGTGTCCC ATATGTTNCC TCCTNGACAG2220  
 NTTTGATGTN GTNCCATTCT NGGGCCTCTC AGTGCTTAGC AAGTAGATAA TGTAAGGGAT2280  
 10 GTNGGCAGCA AATGGAAATG ACTACAAACA CTCTCCTATC AATCACTTCA GGCTACTTTT2340  
 ATGAGTTAGC CAGATGCTTG TGTATCCTCA NGACCAAACCT GATTCATGTA CAAATAATAA2400  
 AATGTTTACT CTTTTGTAAA AAAAAAATAA AAAA 2434

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 554:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1457 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 554

ACTAACCAG AGTTGTGGCA TTATTAATTA TCACTGGTCT TCTTAATCGT AAAACGGGGG 60  
 ACCCCAGAGG CAAGGAAATT TCCATTACCC TATATTGGGC TTAACTTAA AGGAGTATAT 120  
 40 CCACTATCAA GAGCTTAGTA CAAAGGCTGG GGTGAAGTTA CATTATACCT GGGCGTTTAA 180  
 CCATACCAGG GACCCACCT CAACAATGAC TGTGGAAGAC CAAAGGAGAT ACCTAGGTTT 240  
 AGATTATAAT AAATCACCCA GCACCACCTG AATGTATTAT CCACAAAGAT ATAGCAATAA 300  
 TAAAGGTTAT ATATACATAT ATTTATCTTG GTAACCTGAG GGCTAAAAAC GTGGAATACG 360  
 ATAATTCTTC TCAAGAGGTC CATCTGTAAG AAAGGGACCC AAAAGGACAG TGTTTGTGTT 420  
 45 GCATAAAATA TGGGTAAAGT GGAGTTGGGA ACAAAGGGTG GTTCTTTAG CTCTTCCAC 480  
 ATCTCTCTTT GATAAGGACT GAAACCCTGT TGATTCATGA TAAACGTTT CTTTTTTTTT 540  
 TTTTTGGCA GCGGGGAGAG GGAAAGAGGA GGAAATGGG TTTGAGGACC ATGGCTTACC 600  
 TTTCTGCTT TTAGCCATC ACACCCCAT TCCCTCTCTT TCCCTCTCCC CGCTGCCAAA 660  
 AAAAAAATA AGGAAACGTT TATCATGAAT CAACAGGGTT TCAGTCCTTA TCAAAGAGAG 720  
 50 ATGTGGAAG AGCTAAAGAA ACCACCCCTT GTTCCCAACT CCACTTACC CATATTTTAT 780  
 GCAACACAAA CACTGTCCTT TTGGGTCCCT TTCTTACAGA TGGACCTCTT GAGAAGAATT 840  
 ATCGTATTCC ACGTTTTTAG CCTCAGGTT ACCAAGATAA ATATATGTAT ATATAACCTT 900  
 TATTATTGCT ATATCTTTGT GGATAATACA TTCAGGTGGT GCTGGGTGAT TTATTATAAT 960  
 CTGAACCTAG GTATATCCTT TGGTCTTCCA CAGTCATGTT GAGGTGGGCT CCCTGGTATG1020  
 55 GTAAAAAGCC AGGTATAATG TAACCTCACC CCAGCCTTTG TACTAAGCTC TTGATAGTGG1080  
 ATATACTCTT TTAAGTTTAG CCCAATGGA AATTCCTGC CCTCTGGGTT1140  
 CCCCATTTT ACTATTAAGA AGACCACTGA TAATTTAATA ATGCCACCAA CTCTGGCTTA1200  
 GTTAAGTGAG AGTGTGAAC GTGTGGCAAG AGAGCCTCAC ACCTCACTAG GTGCAGAGAG1260



CCCAGGCCTT ATGTTAAAT CATGCACTTG AAAAGCAAAC CTTAATCTGC AAAGACAGCA1320  
GCAAGCATTAC TACGGTCATC TTGAATGATC CCTTTGAAAG TTTTTTTTGT GTTGGTTTGG1380  
TTTAAATCA AGCCTGAGGC TGGGTGGAAA CAGGTAGCCT ACACACCCCA AATTGGGGGT1440  
GGTCCCGGGG GAATGTT 1457

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 555:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 741 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 555

30 CCTCTAAAA GACTGGGAAA GCAGCTTTGG GCTTTGGGTC CTCCTAAAA AACCAAGGCG 60  
GATGACTTGG GGTTCGGATC CCCTTCGGAT GTCACCGAA AAAGCCTTAG CAGACCTGAT120  
TGAGAAGGAA CTGTCCCGTT CAAAGACCAA CCTTCCCTTT CGCCCCACAT CTCTTCAGAA180  
CTCCTCTTCA CACACTACAA CCGCCAAAGG TCCCAGGCTC TGGATTCTTG CATCCTGCTG240  
CAGCTACAAA TGCCAATTCT CTAAATAGTA CCTTTTCAGT CTGCCCCAG AGGTTCCCTC300  
35 AATTCAGCA GCACCGAGCG GTTTATAATT CATTCAGTTT TCCAGGCCAG GCAGCCCGCT360  
ATCCTTGGAT GGCCTTTCCA NCGCAATAGC ATCATGCNAC TTGAACCACA CAGCAAACCC420  
CACCTCAAAAT AGTAATTTCT TGGACTTGAA TCTCCCGCCA CAGCACAACA CAGGTCTGGG480  
AGGGATCCCT GTAGCAGGGG AAGAAGAGGT GAAGGTTTCG ACCATGCCAC TGTCAACCTC540  
TTCCCATTC TACAACAAG GACAGCAGCC TACAAGTCTC CACACTACTG TGGCCTGACA600  
40 ACAGAACTGA GAGGAGAGGA TTAGACTCTG GGGTGCTTGC ATGGGCAACT GGATTTTTC660  
ATGATTCTT TATGATTTT CTTTTAATGT ATACACCCAG AAGAGCCAAT ATAAACGTTTC720  
CTCATGCCTA AAAAAAAAAA A 741

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 561:

(A) LÄNGE: 470 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

10 TDQPNIQSVK IHSPLRNPN KGCECPPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60  
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGKTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSPNK120  
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFISIDKQR PGQOVATCVR180  
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVDSLEL GDMVEYSLSK240  
GKGNKVSARK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300  
GEVYPFGIVG MANKGDCLQK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360  
15 NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVILNQRTEG KCSACNVWRV CEGPKAVAAP420  
RPDRLVNRLK NITLDDASAP RLMVLRQPRG PDNSMGFGAE RKIRQAGVID 470

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 562:

20 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

35 LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60  
LPFLQAIPFV GHPNDKAWID LTFHIALHNN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120  
LSNAIH 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 563:

40

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60  
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 564:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDQDN LDLANVNLML 60  
25 ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120  
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180  
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240  
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVYDYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300  
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360  
30 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQFI MVFKGHRKAV420  
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480  
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDI VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540  
GTIKVLELV 549

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 565:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

TLYFVYIDMC NSQRGWEIRT LQIIHCYIIV HICYFVTFVF SFVFFFFFFF FFCGSINFYC 60  
FVIYFYSKEF VLSQKLDNT TKSSNVHGVV LMVESWLGIP NVPKVIKEGK EKKKKIFKTN120  
55 PKPMTLGRD IT 132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 566:

- 5 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

20 GTVLSSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60  
SSCFFFTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 567:

- 25 (A) LÄNGE: 331 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

40 SANHKLEVNG TDGLAPVEVE ELLRQASERN SKSPTEYHEP VYANPFYRPT TPQRETVTPG 60  
PNFQERIKIK TNGLGIGVNE SIHNMGNLS EERGNNFNHI SPIPPVPHPR SVIQQAEK120  
HTPQKRLMTP WEESNVMQDK DAPSPKPLS PRETIFGKSE HQNSSPTCQE DEEDVRYNIV180  
HSLPPDINDT EPVTMIFMGY QQAEDSEEDK KFLTGYDGII HAELVVIDDE EEEDEGEAEK240  
45 PSYHPIAPHS QVYQPAKPTP LPRKRSEASP HENTNHKSPH KNSISLKEQE ESLGSPVHHS300  
PFDAQTTGDG TEDPSLTALR MRMAKLGKKV I 331

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 568:

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

LSLTSRMEEA ELVKGRLOAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60  
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120  
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180  
15 AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 569:

20

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

35

LEKLHICFPQ LFGNFSQIMT TTYSHGLIWY TVMIIFWTSE KINKISRREI CKCFLVSSSK 60  
DVYIGGTTLR SPFFPALPFS SLKLLRMDPQ SHLQLSEHQM GNGGQGCLSF LLALSEIWNF120  
CGGIYDLCFH ED 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 570:

40

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

5 NEVTPWSFWW WTKLTFFFPL ALKKSSRVSS SHLPRIYQAF LMSATFNEDV QALKELILHN 60  
PVTCLKQESQ LPGPDQLQQF QVVCETEEDK FLLLYALLKL SLIRGKSLF VNTLERSYRL120  
RLFLEQFSIP TCVLNGELPL RSRCHIISQF NQGFYDCVIA TDAEVLGAPR QRAMRPRRA180  
KTGTMASRFL ERTVVALGH 199

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 571:

10

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180  
30 LLFSFGFEEE LKSL 195

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 572:

35

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

50 DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60  
RLPGARAGPS QEVLPF 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 573:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

DSQVGRGPQR NSSLHTGRSV HWGEATGSLR HLQWGRAQPL LFLGGKLRFK LPGGKSMGRK60  
QALXLLRVSV SPFFPLCLIN KFHFSHPSNS L 91

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 574:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

EKWNLLIRHK GKKGETETLS KXRACFLPMD FPPGSLNRSF PPRKRRGWAL PHWRWRKLPV60  
ASPQCTLLPV CRLEFLWGPL PTWLSHCPL 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 575:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

5 LIRCLRLFSH HVMERKLSTS FLRLPATQLL IHIWSEPWYP STIHARKLDV YSLPFFPLFG60  
DFLLSSAEDG VLVCPMATKI 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 577:

10 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

25 LLPLLLLLLIH GDTPXGPGPX XQEQAPNHRH GLEEXRISXK SCMGXVDWNG PEGVEIYVDG 60  
KEPHNKSQSS QLGFKTNGHX KSSEXVXHDV LDNRKEAGVK VKEGHEHQNQ QDPASELHVL120  
30 FGGALTHGGD ARKHALPFRT GFSRSTQQPP PRARFLPLCR T 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 578:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

50 QTDNLSEKQP XGKXVCRGCP QGECSWERAV LLXPGRPALS XTLLXKXAPC EVNWVXVRGS 60  
XXCXGAPAXT PXPXQRXAAS AXAGLEXSXA XAGXAGCCCX GLPXVWSXLA LPTASLEASX120  
XPRPAASPRT SCPSTLPQAT KTRVLPNKX XLGTXSKLIF 160

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 579:



- (A) LÄNGE: 437 Aminosäuren  
(B) TYP: Prot in  
(C) STRANG: einz I  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

20 SQGVLSDDGV WRVKSIPNGK GSSPLPTATT PKPLIPTEAS IRVWGTSCTS HLHPRSICMI 60  
QKYNHDGEAG RLEAFSQGES VLKEPKYQEE LEDRLHFYVE ECDYLQGFQI LCDLHDGFSG120  
VGAKAAELLQ DEYSGRGIIT WGLLPGPYHR GEAQRNIYRL LNTAFGLVHL TAHSSSLVCPL180  
SLGGSGLGLRP EPPVSFPYLH YDATALPFHCS AILATALDTV TVPYRLCSSP VSMVHLADML240  
SFCGKKVVT AIIIPFPLAP GQSLPDSLMO FGGATPWTPS SACGEPSTGR CFAQSVVLRG300  
YRQSMPHKPQ NQRDTSTLCP SCMYHWGRNL GSVFTTAAAW SHEFFPSAAD SLQGGSSSLPP360  
PLLKLQSTGY GSGWFPQGSR SSVSLSLPQQ WRASQCLGHC VPLRPCTRPW KPWPETSPNS420  
25 TCGAGPASWM LEWSTMT 437

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 580:

- (A) LÄNGE: 277 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

45 TERLLLDGPP PHSPETPQFP PTTGAVLYTV KRNVGPEVR SCPKASPRLO KEREQKAVS 60  
ESEALMLVWD ASETKLPST VEPPASFLSP VSSKTRDAGR RHVSGKPDQ ERWLPSSRAR120  
VKTRDRTCPV HESPSGIDTS ETSPKAPRG LAKDSGTQAK GPEGEQQPKA AEATVCANNS180  
KVSSTGEKVV LWTREADRVI LTMCQEQGAQ PQTFNIISQQ LGNKTPAEVS HRFRELMQLF240  
HTACEASSED EDDATSTNSA DQLSDHGDLL SEEELDE 277

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 581:

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

15 FPESHSSSSS SDRRSPWSDS WSALLVLVAS SSSSELASQA VWKSCMSSRK RWETSAGVLF 60  
PSCWEMMLKV CGCAPCSWHM VRITRSASLV HRTTFSPVEL TLLLLAHTVA SAAFGCCSPS120  
GPLACVPLSL AKPPLGALGE VSEVSIPDGD SWTGHVLSLV FTLALLEGSH LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 582:

20 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

35 EFPPGLTEPT AVRALARARR TRAGSASDPE RSPGAMALSE LALVRWLQES RRSRKLILFI 60  
VFLALLLDNM LLTVVVPIIP SYLYSIKHEK NATEIQTARP VHTASISDSF QSIFSYYDNS120  
TMVTGNATRD LTLHQATATQH MVTNASAVPS DCPSEDKDLL NENVQVGLLF ASKATVQLIT180  
40 NPFIGLLTNR IGYPIPIFAG FCIMFVSTIM FAFSSSYAFL LIARSLQGIG SSCSSVAGMG240  
MLASVYTDDE ERGNVMGIAL GGLAMGVLVG PPFGSVLYEF VGKTAPFLVL AALVLLDGAI300  
QLFVLQPSRV QPESQKGTPL TLLKDPYIL IAAGSISFAN MGIAMLEPAL PIWMMETMCS360  
RKWQLGVAFL PASISYLIGT NIFGILAHKM GRWLCALLGM IIVGVLSILCI PFPKNIYGLI420  
APNFGVGAFAN GMDSSMPI MGYLVDLRHV SVYGSVYAIA DVAFCMGYAI GPSAGGAIK480  
AIGFFWLMTI IGIIDILFAP LCFFLRSPPA KEEKMAILMD HNCPIKTKMY TQNNIQSYPI540  
45 GEDEESES 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 583:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

50 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

YLLSHWNQYF WDTCTQNGEV ALCSSGNDNC WSQHFMYIS KKHLWTHSSE LWSWFCKWNG 60  
GFVNDAYHGL PRRPAARVRL WECVRHCGCG ILYGVCYRSF CWWCYCKGNW ISMAHDNYWD120  
N 121

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 584:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

DGGSVHWPGR LDFCSILLML NAVQITWDDG DHDSEQHVVO QQRQEHDEQD ELPRAAALLQ 60  
PADQRQLAQG HGSGAPLGVA CAACPGPPCP RQRPHRSLR QSGREF 106

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 585:

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 585:

5      KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60  
AAILWLLCSH RPAPGRPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTFAG IRYRIAVIAD120  
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180  
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGGLGKE240  
WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300  
QRWFFLPRRA SQERYSEKDD ERKGANLLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360  
TDDQIIVALK SEEDSGRVS YIMAFITLDR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 586:

10

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 586:

30      KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQGEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60  
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVLLAV ALLAGAARQE120  
EPALQRTVPA GRIMDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180  
SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHFG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240  
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 587:

35

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 587:

50

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60  
EWDLRPRLT TQAEKGRFHH SQCPPHSNYL TPTPTLTPTP PRDRQGCHGG PEGAGSGCPC120  
AGPSQTSPP LKLKHSCEEGS EEGPLSHGCL FPPLCHR 157

55      (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 588:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

NTMAVAAVKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTSDGRTI 60  
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120  
20 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 589:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60  
RSFLKVFNEFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120  
YVAIIIVW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 590:

45

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

10 KLVCLADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60  
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 591:

15 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

30 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAIFYQK120  
GENSCLSLFK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 592:

35

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

TCEPFRNPQV GKDTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDL LLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 593:

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

20 TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITG SWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDL LLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 594:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

40 TPALRARS LR DRCARAPCPH GGQRRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60  
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLP IFKLK ESTVRRRYS D120  
FEWLRSELER ESKVVVPPLP GKAF LRQFL L EEMMEYLM TI LLRKENKGWS SL 172

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 595:

- 45 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

10 SAAGCQPRSP PFRSCCRRR GLPPPPPSA AAAGAAARRG DTGLARSGRE ENEHVERAFT 60  
PHAKLLPAPL KLPPSPGK RLTSWNATPG SREARPLGR GTADWGVRRS GVMGLGVANR120  
FRPDYSA 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 596:

15 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

30 FTSQPFKVT V SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60  
VIQVLRGLDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPALLPAVGT RGSRAAVAKR120  
TST 123

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 597:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60  
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120



LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLN AIR180  
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLD EPY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240  
KKAYDYFQAK KIPIVPSLAD AS 262

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 598:

KGWRSDFTVG GRQRDQGHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYS HF SGSLKSTRYY60  
RGSRS 65

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 599:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60  
EEQ 63

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

(A) LÄNGE: 336 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 600:

KLNFNTMRCC HICKLPGRVM GIRVLRLSLV VILVLLLVAG ALTALLPSVK EDKMLMLRRE 60  
IKSQGKSTMD SFTLIMQTYN RTDLLLKL LN HYQAVPNLHK VIVVWNNIGE KAPDELWNSL120  
GPHPIPVIFK QQTANRMRNR LQVFPELETN AVLMVDDDTL ISTPDLVFAF SVWQQFPDQI180  
15 VGFVPRKHVS TSSGIYSYGS FEMQAPGSGN GDQYSMLVIG ASFFNSKYLE LFQRQPAAVH240  
ALIDDTQNC DDIAMNFIIAK HIGKTS GIEV KPVNMDNLEK ETNSGYSGMW HRAEHALQRS300  
YCINKLVNIY DSMPLRYSNI MISQFGFPYA NYKRKI 336

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

20

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 601:

HALKILQHYD FPVWFSICQL QKKNIKVKOT KTNLKTAWHL SSFSMLCIFL SNIMNFIYSR 60  
SLYNRKKS AV LLGYKIHITF ESQEVGLIQL GLLMKS FHPG I 101

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 602:

5 FKSFNKRSVL LYVCIMRVKE SMVDLPWDFI SLRNMSILSS LTLGSKAVKA PATSNNTMT60  
TKDNRSTRIP ITLPGSLQMW QHLIVLKFN 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 10 (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 603:

25 IYGVSFLLFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLLL 60  
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQAPV GSGPVLRLPR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA120  
ACPSEALLSP PGSHGWFLS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ 163

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 604:

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXKKQIRX FDXKXNRPXK 60  
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXKQSID VXRIYTVXRN XRXFXKKNRN120  
50 TXWXXFYHXX YTFSLWXXNL TKLXFKIKLM 150

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 605:

LDFKXQFCES IXPQAKCVXX MIKXXPXXIP VFLKXVPXIS XHCIYPXDIN XTLSFYSSN 60  
KVGTDLSTTN LPSXCLASXP CSAPGXXPLX XPVXFVVKXP NLLLAFSW 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

20 (A) LÄNGE: 203 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 606:

GPSALVHSVR PDLCSNPLSC GSLACMAYTG ELGLWAVQTQ GSHFAFPLLS PFSILALRQN 60  
FSQRRTLCCP RSAVILPFLP SFHPSSAQMK SSRNSSFLPL WDSETGNLQG GVFPSPFLFL120  
STPRGTKAAV PTSGTELHTI VGKLGQPLLL VLRAHLCYWS FWQKRKMIEP RVAPECSSLT180  
40 VEGPKLVFRA HPRREVIRCH AFC 203

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 607:

EVROKEWCLL WSFPFPGAGL CAKLGPHIW STLLVGARPE HLTQPVHTAP RVPPLSQAGP 60  
TAPGSADKGM ACPLRCQNSI QKAPPQVDVV PGAGEESGTT TLAVNLSNRG LGFLVAASCP120  
GLEVHRSRGV PLGTDMPHW GCNGEKSGKL GAQL 154

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 608:

CGVLSLRWVQ QPWFLWGLRI RIVGREKLLL EDFLSQSPRE VERRNFCWTS SGQRKDG MKV 60  
EKAELQLSGD NKEFFSGKSF VLEQGWMGT TKEKQSVTLG FGQPRGPAPQ YKPYRPGTHR120  
RVD 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

35 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 609:

50

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60  
ESFRLHXYV LCTCPMLGNR KIIVIDKT 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 610:

SCFHKLSTQE PDGKKKNKYA DNYRKINPNL VKLVKACTFQ RFIRTGLNRE FLLNKMALTL60  
20 VPRNWN PQRS YTG DNSALIL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

- 25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 611:

40 MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWFLQ60  
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

- 45 (A) LÄNGE: 395 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 612:

APMRPERPRP RGSAPGPMET PPWDPARNDL LPPTLTPAVP PYVKLGTLTVV YTVFYALLFV 60  
FIYVQLWLVL RYRHKRLSYQ SVFLFLCLFW ASLRTVLFSF YFKDFVAANS LSPFVFWLLY120  
CFPVCLQFFT LTLMLNLYFTQ VIFKAISKYS PELLKYRLPL YLASLFISLV FLLVNLTCV180  
10 LVKTGNWERK VIVSVRVAIN DTLFVLCVAVS LSICLYKISK MSLANIYLES KGSSVCQVTA240  
IGVTVILLYT SRACYNLFIL SFSQNKSVHS FDYDWNVSD QADLKNQLGD AGYVLFQVVL300  
FVWELLPTTL VVYFFRVNRP TKDLTNPGMV PSHGFSPRSY FFDNPRRYDS DDDLAWNIAP360  
QGLQGGFAPD YYDWGQQTNS FLAQAGTLQR LNFGS 395

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(A) LÄNGE: 213 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 613:

ARCAETPAGA AAASPDEAR ASPAARQRPR PDGDPVAVGPS PQLAAAHAD PGRAPLREAW 60  
PHRRHLRVLR AALRVHLRAA LAGAALPPQA AQLPERLPLS LPLLGLPADR PLLLLLQRLR120  
35 GGQFAQPLRL LAALLPCVP AVFHPhADEL VLHAGDFQSQ VKIFSRTIQI PVAPLPGLPL180  
HQPCFPVGEF NLCCAGKDGK LGEEGYRLCA SGH 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

40 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 614:

LGFENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPQGGPEEA 60  
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE AKLHVGGHGR GQRGRQRVVA120  
GWVPRRGLHR AGGAAARPGT LGPHRGSRPP PPPRGSPRIA P 161

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 615:

25 HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60  
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

- 30 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 616:

45 VTCLSLYVET NFTMITDLCN ISSLNFTIL KCLLENLHLF VPRCSSSIKP WAYFSVLLRP60  
NEVGRGGQFC INIRYFVIHS PNLKLY 86

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

50

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 617:

RMLIQNCPPR PTKFGLRRTL KYAHGFIDEE HLGTKRCKFS SRHFKIVWKF KLEMLHRSVI60  
MVKLVSTYKD KQVTHW 76

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 618:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

35 SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRELFKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60  
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSLQGSPA120  
TPLSFLFFLV FLFRAGSSMT GCSTFFLDFI FFFAEDLGSS LMGMYSGAST LTGFLLLPFL180  
GLLSMDLEGL EWPGRASPSW WIFFFFFFFFP LCSLGLFRLP FLXPRLPVPH PSSPLXQVSP240  
TSLASLASQN QGSWTEKAXG VLGPPFFPSC XFLSFLPTLV SSSPCLXVLG RFSPQRHGTW300  
40 LEVTSXFFFS PLRNSKWPNT CFLRLGDFSV RLAGSVVSGS TCSSQRVLTP FFFFFFFFTR360  
GISGACPWAT LLXGGCSS 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 619:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

5 GTGSLGXRNQ XRKSPREHNG KVKKKKKIHQ EGDALPGHSG PSRSMESSPR KGSKKKPVKV 60  
EAPYIPIISD DPKSSAKKKM KSKKKVEQPV IEEPALKRKT RKKRKESGVA GDPWREETDT120  
DLEVVLEKKG NMDEAHIDQV RKKALQEEID RESGKTEASE TRKWTGTQFG QWDTAGFENE180  
10 DQKLKFLRLM GGFKNLSPSF SRPASTIARP NMALGKKAAD SLOQNLQRDY DRAMSLEVQP240  
GSR LAVFSTA PNKIFYIDRN ASKSVKLED 269

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 620:

15 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

30 VRVCFLPPRV SCYPTLFPLL PRLPFQSWLL DDWLLYLLFG LHLFLCGGLR VITYGDVFRS 60  
LNF DWLLFTS FPRAALHGPG GLGVAWEGIS LLVDFFLLH LPIVFSGALP XSVSXPKAAC120  
SSSFFPTXAS VPNIPLPGL TEPRVLDREG XWGPXPFFS FLXFFELLAN SGFLLTLSXG180  
XGEVFTPEAW DMARGDFLXF LFPTEELQVA KHLLEAG 218

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 621:

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRRELPF 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180  
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLLDRALY WHFLTDFTTA YYRLITHLG LPQWQYAFS300  
YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPKSV FKSNNKIVIP KKKGPVQFAG360  
5 GQKGPSGPGS PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 622:

- 10 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

25 ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 623:

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

45 RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMRVSFS RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60  
GPDPASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 624:

- 50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

15 CCTEHRWPAS MPPQLQETRM NRSIPVEVDE SEPYPSSLK PIPEYSPEEE SEPPAPNIRN 60  
MAPNSLSAPT MLHNSSGDFS QAHSTLKLAN HQRPVSRQVT CLRTQVLEDS EDSFCRRHPG120  
LGKAFPSGCS AVSEPASESV VGALPAEHQF SFMEKRNQWL VSQLSAASPD TGHDSKSDQ180  
SLPNASADSL GGSQEMVQRP QPXQEPSRPG SANHRHGI 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 625:

20

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

NLQITSGLYP GRSPACALKE WRTVKTVSAG DTQAWAKLSL LGALQSASLR LSLWLEPSLQ 60  
SISFHLWKNV INGWYLSFQR LLLTLAMTQT NQTKVYLMPO QTPWAVARRW CNGPSLHRNR120  
AGLDLPTIDT GYDSQPQDVL GIRQLERPLX LTVVCYPQDL PRPLRSREFP QFEPQRYPAC180  
40 AQMLPPNLSP HAPWNYHYHC PGSPDHQVXI WP 212

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 630:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

5

FMINVSFFFF LAAGRGKEEE MGCDGSKAGK VSHGPQTPEP PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ 60  
QGFSPIQREM WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSQVT120  
KINICIYNLY YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SLLRWGPWYG KTPRYNVTSP180  
QPLY 184

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 631:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

30

GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKE TFIMNQOGFS PYOREMWKEL KKPPFVFNST 60  
LPIFYATQTL SFWVPFLQMD LLRRIIVFHV FSPQVTKINI CIYNLYCYI FVDNTFRWCW120  
VIYYNLNLGI SFGLPQSC 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 632:

35

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

50

WVKGRKGKPW SSNPISSEFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60  
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 633:

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

20 RNHAKIQ LPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVD SG MV ETFTSSSPAT 60  
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFVWFK XHDAIAXERP SKDSGLPGLE N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 634:

- 25 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

40 LRRNCPVQRP TFPFAPHLFR TPLHTLQPPK VPGSGFLHPA AATNANSLNS TFSVLPQRFP60  
QFQQHRAVYN SFSFPGQAAR YPWMAFPXQ 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 635:

- 45 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

FIQFSRPGSP LSLDGLSXAI ASCXLNHTAN PTSNSNFLDL NLPPQHNTGL GGIPVAGEEEE60  
VKVSTMPPLST SSHSLQQGQQ PTLHTTVA 89

10

**Patentanspruch**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
  - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
  - oder
  - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1 - 126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.



8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 10 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 20 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 25 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 30 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 40 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
- 45 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gynäkologie zur Behandlung des Endometriumtumors.
- 5 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.
- 10 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 15 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 30 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

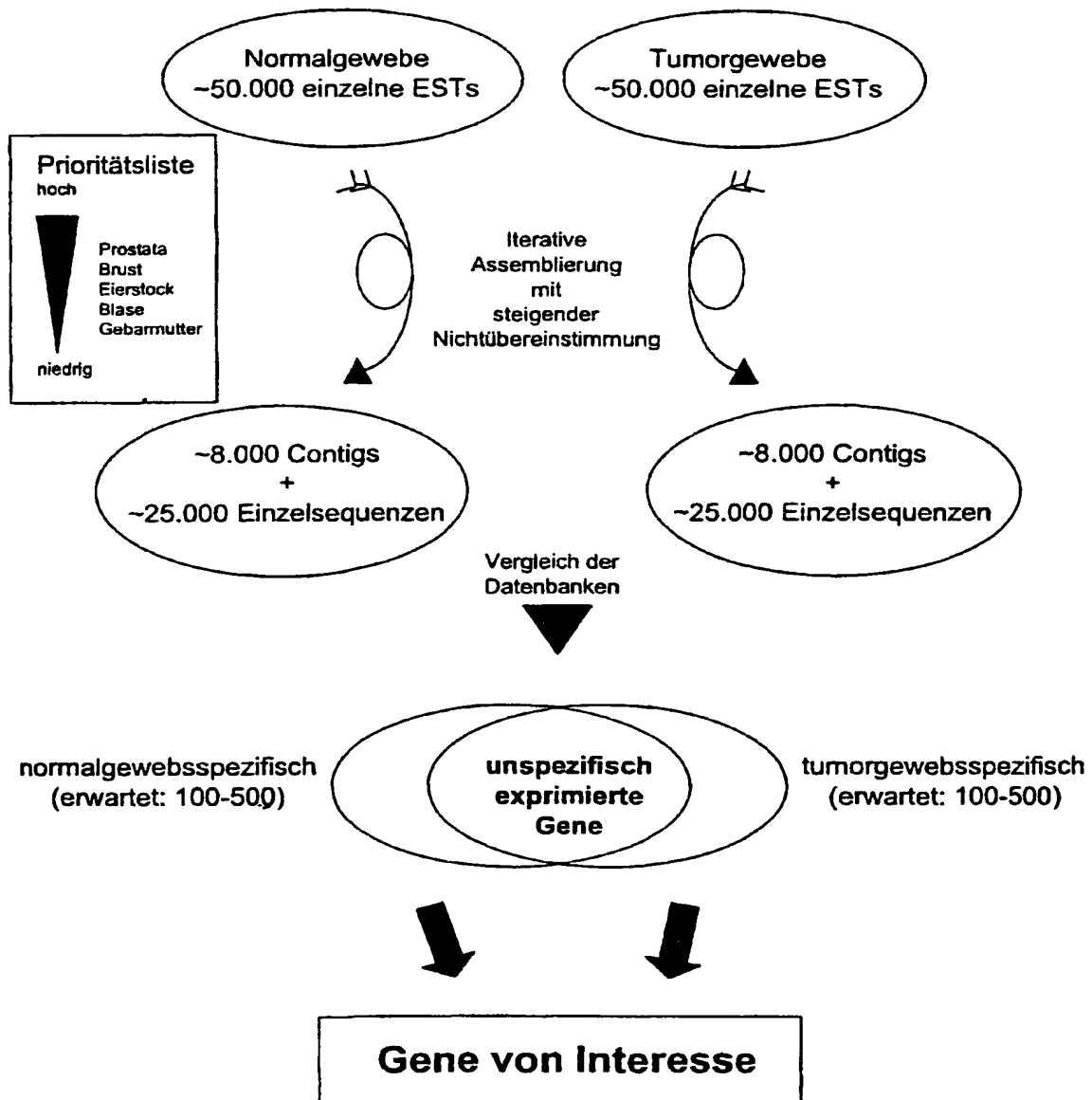


Fig. 1

2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

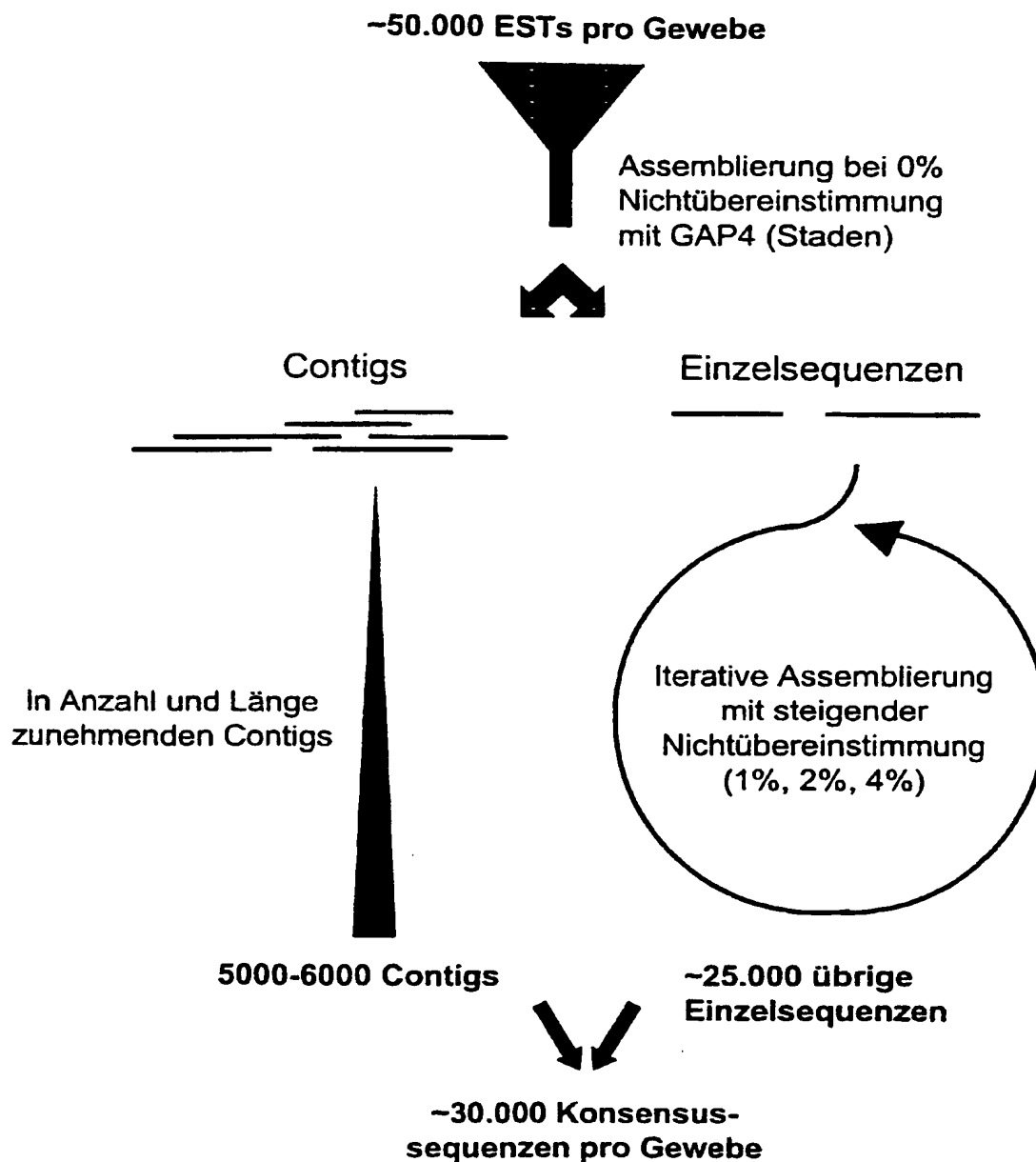


Fig. 2a

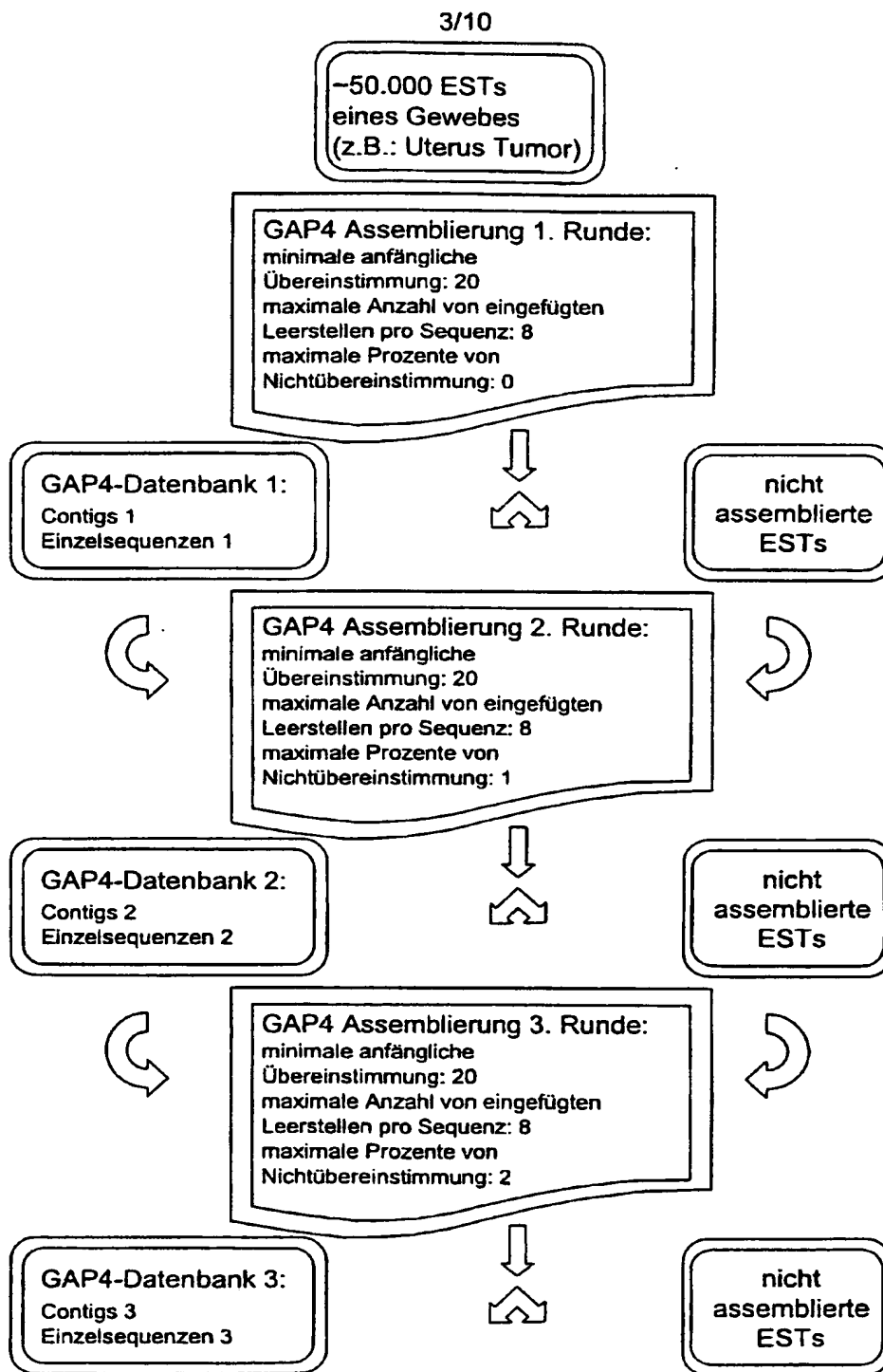


Fig. 2b1

4/10

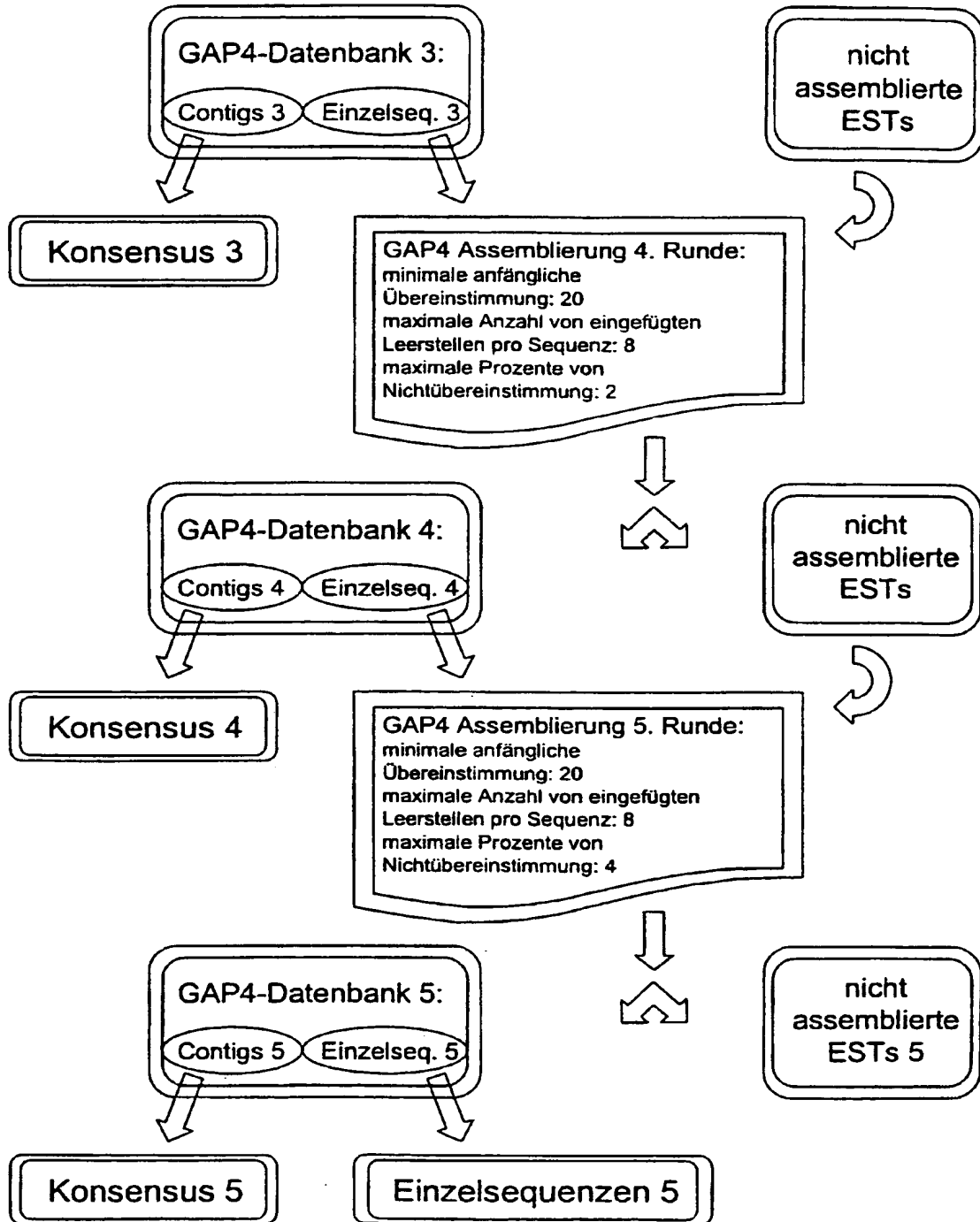


Fig. 2b2

5/10

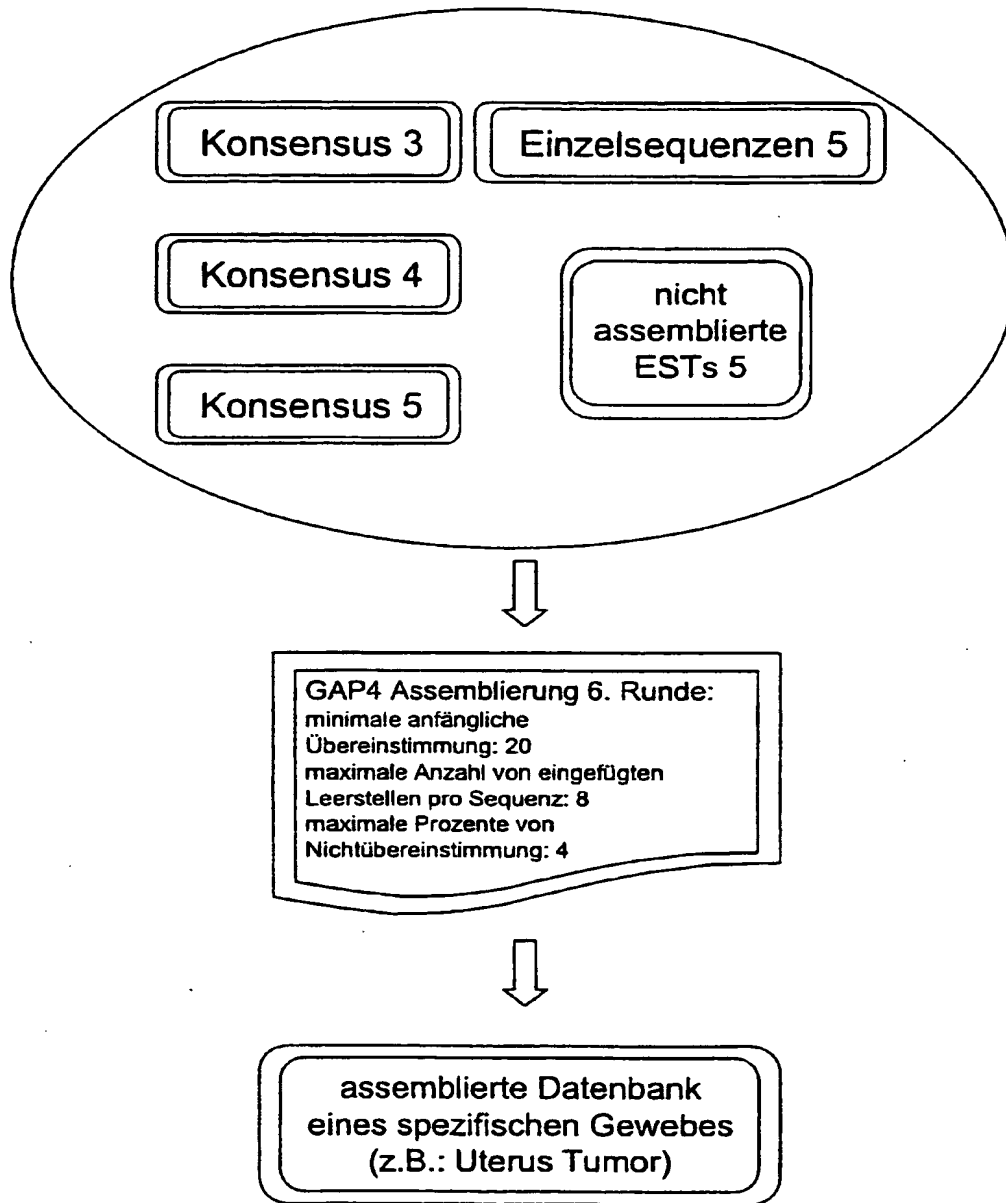


Fig. 2b3



6/10

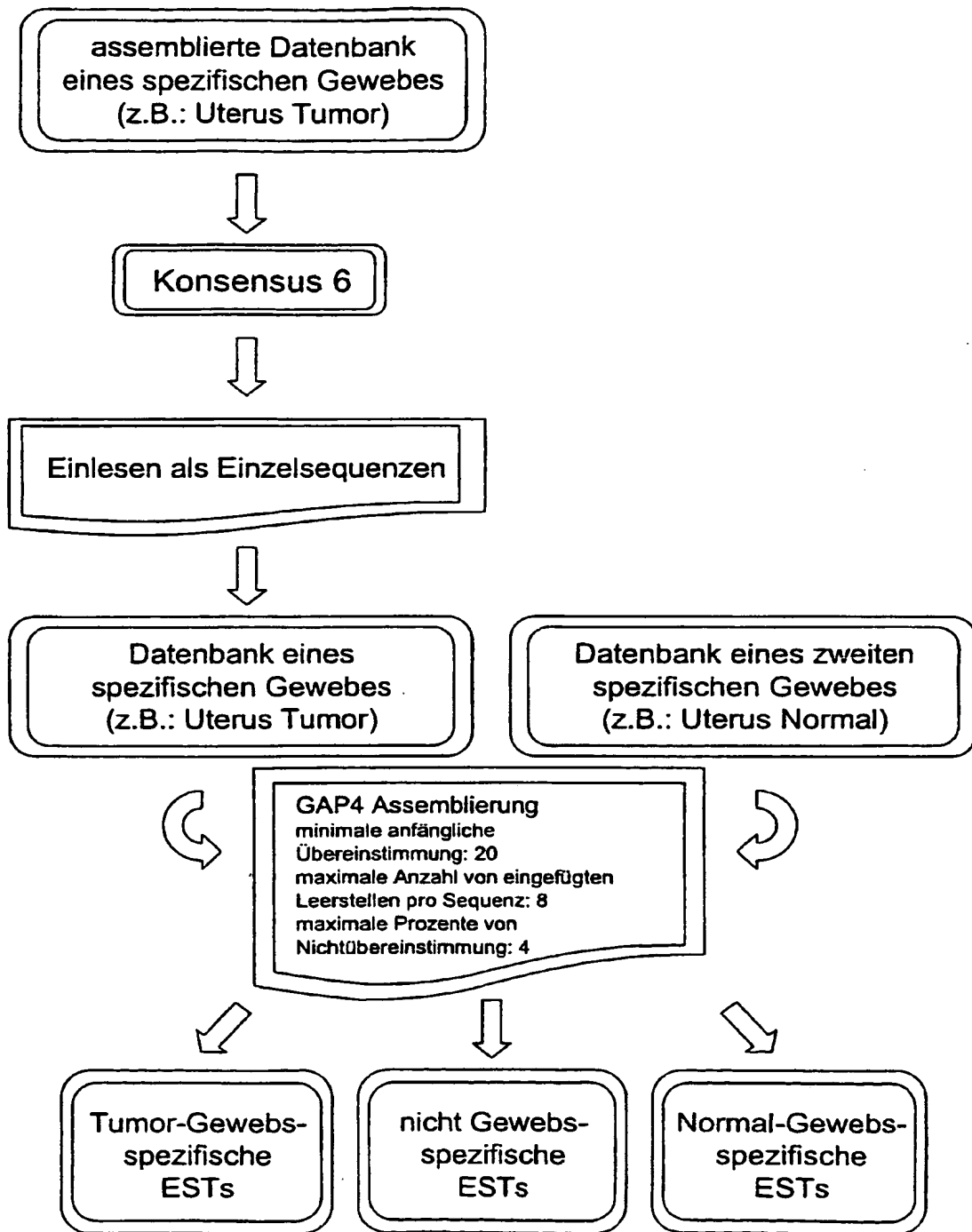


Fig. 2b4

7/10

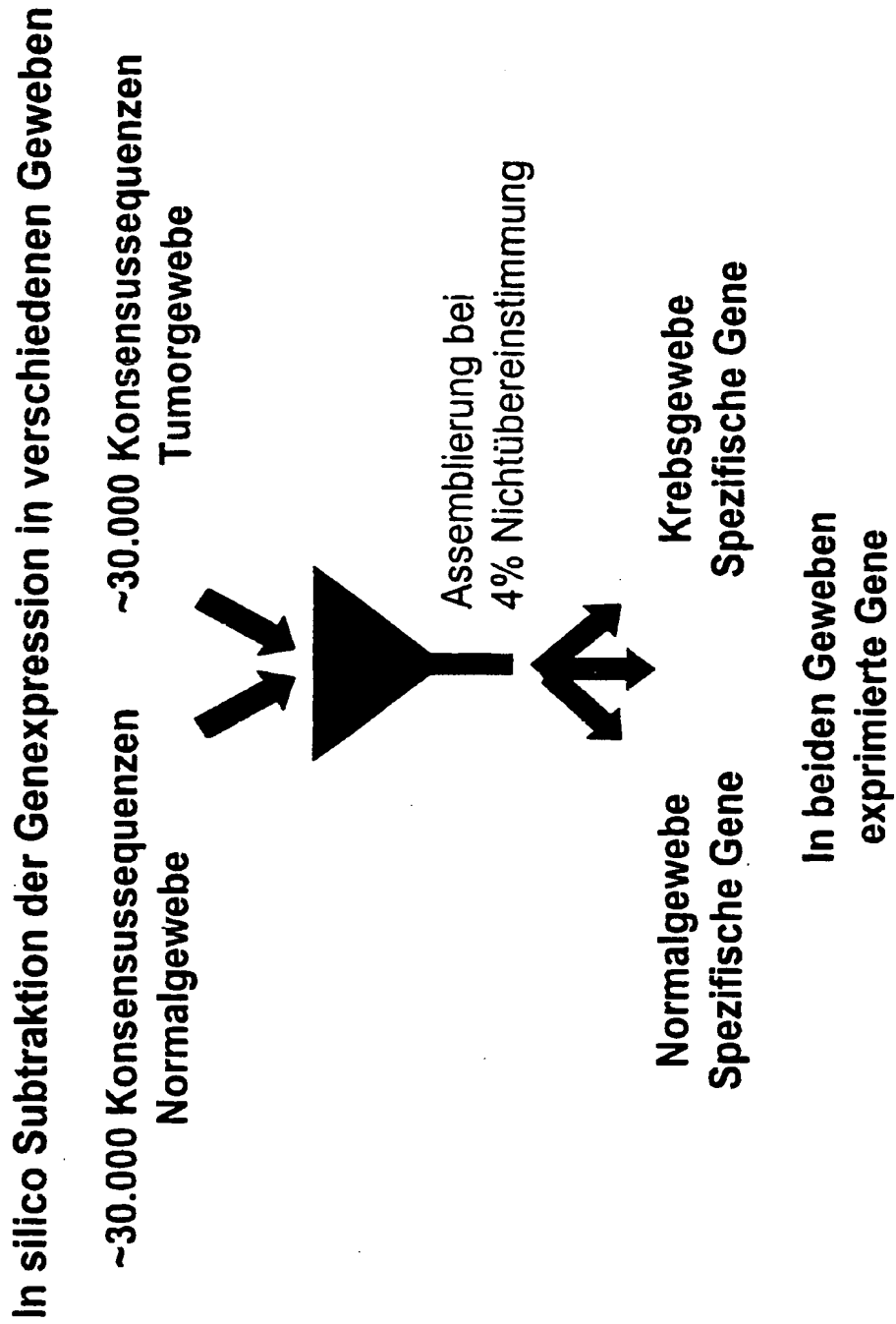


Fig. 3

8/10

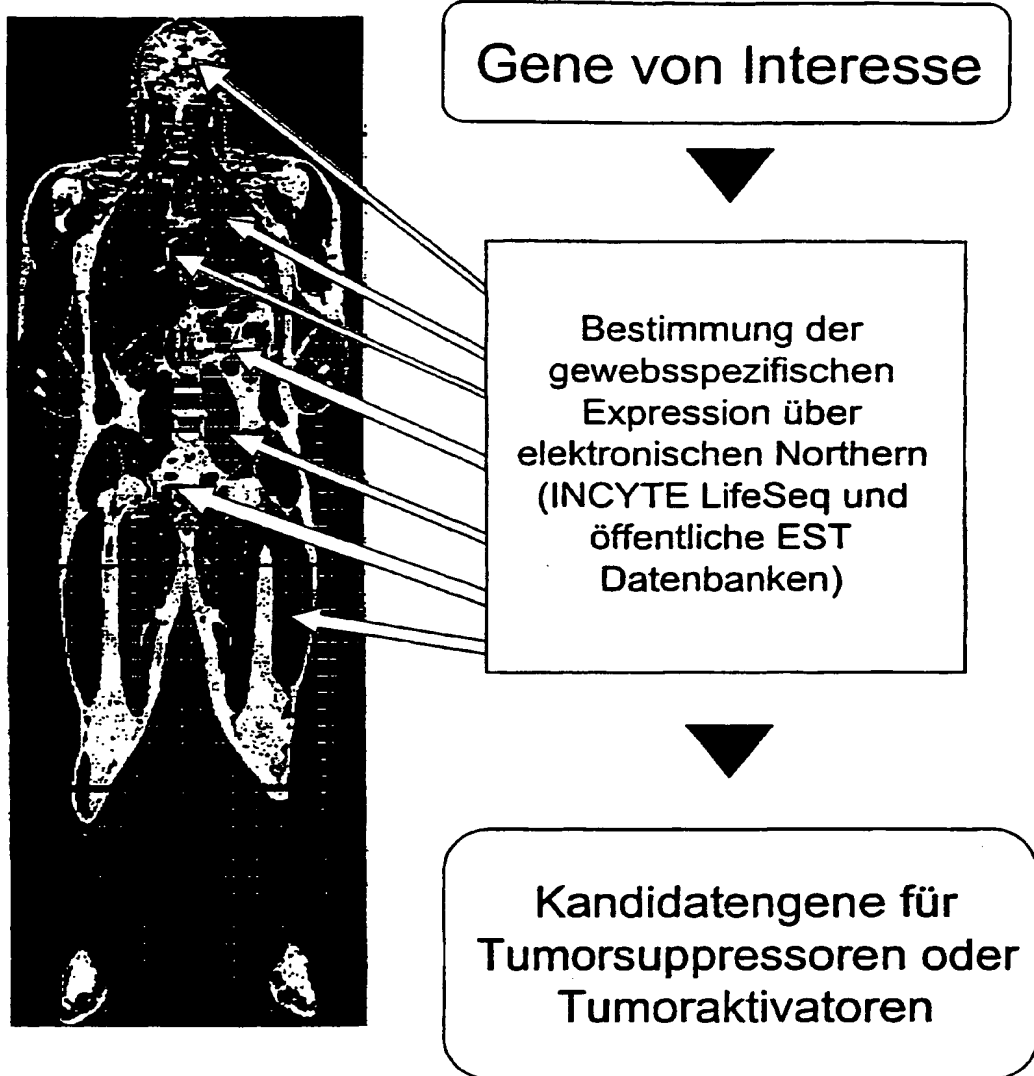


Fig. 4a

9/10

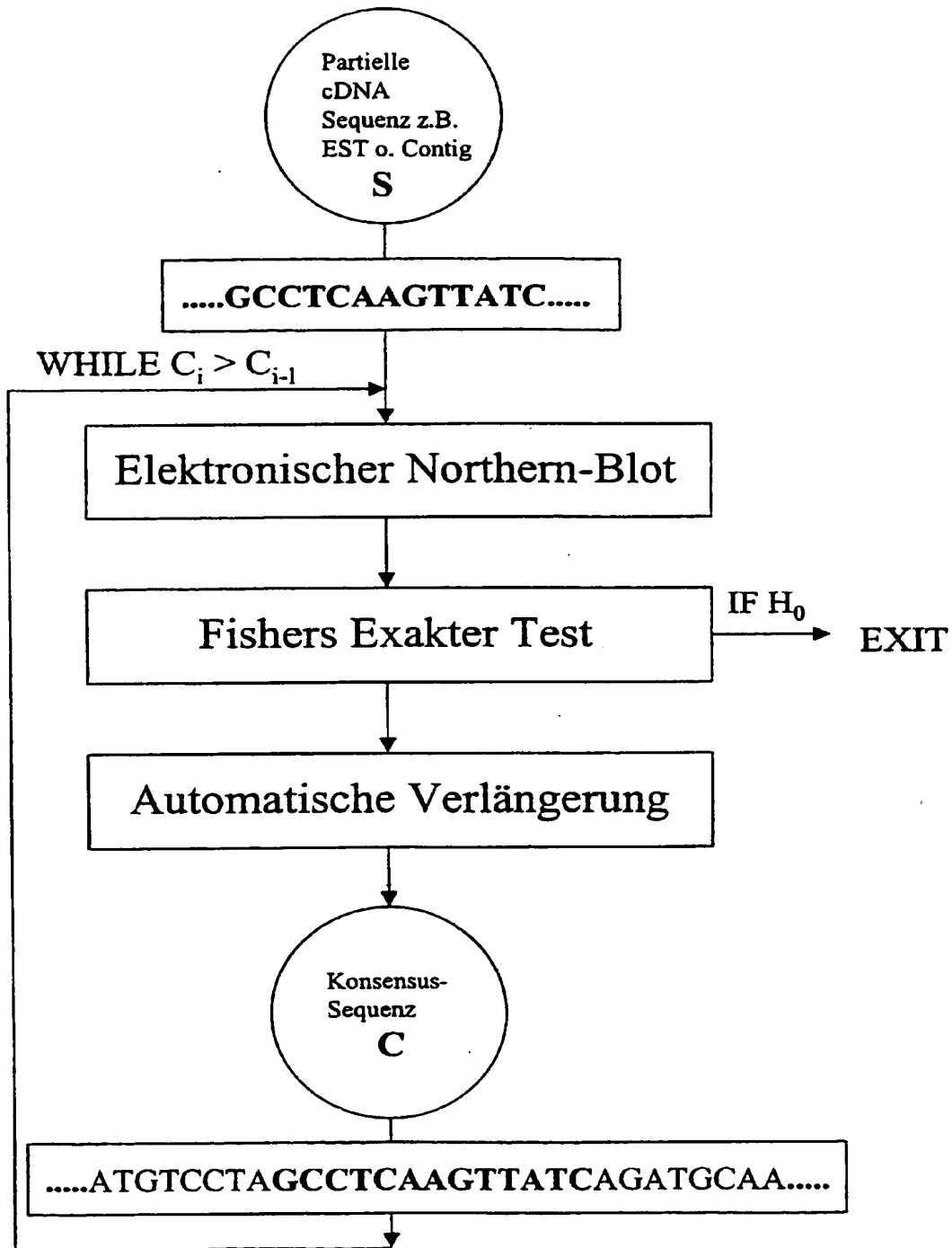


Fig. 4b

10/10

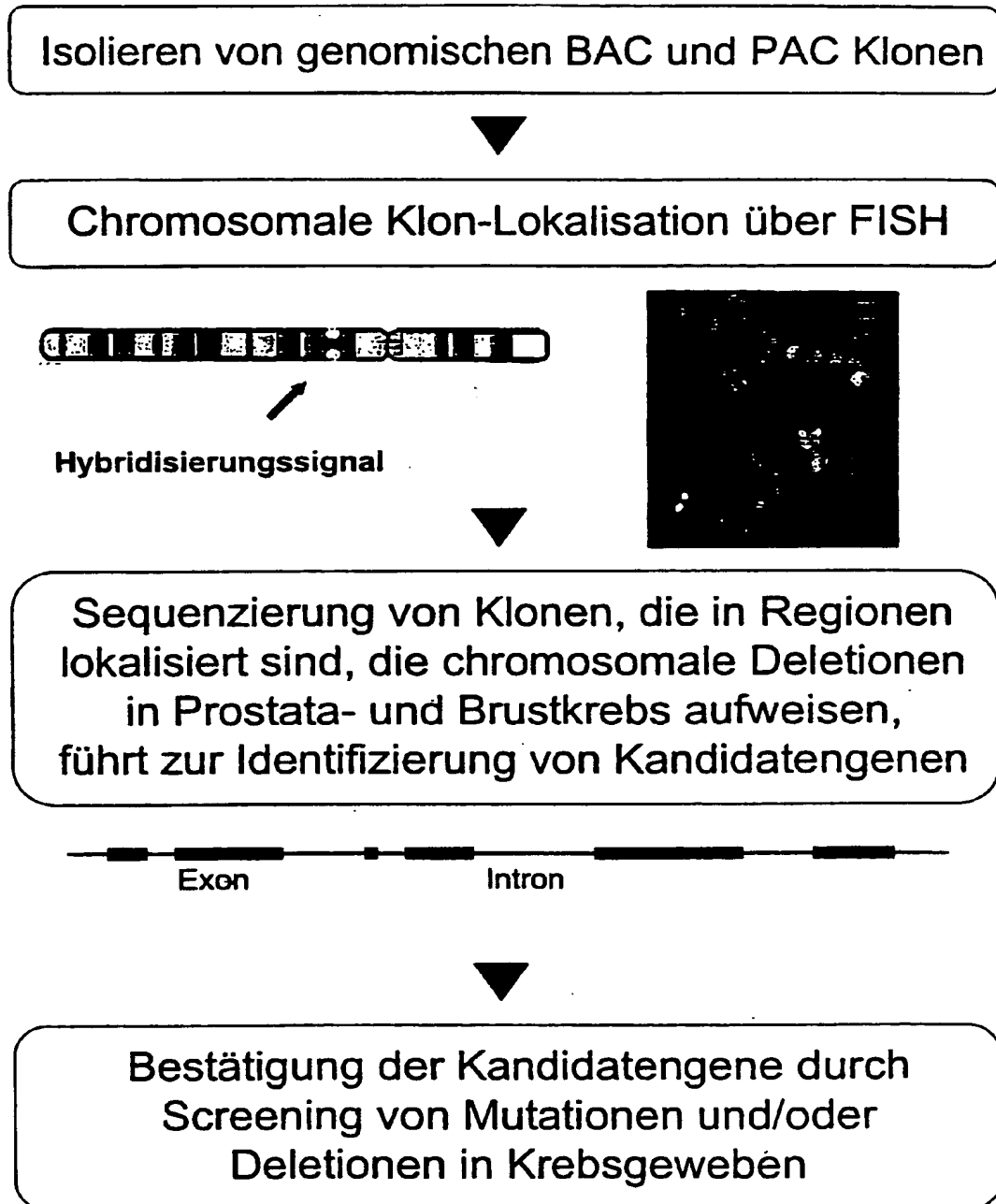


Fig. 5